

B22

(19) 日本国特許庁 (J P)

(12) 公開特許公報 (A)

(11) 特許出願公開番号

特開2002-191370

(P2002-191370A)

(43) 公開日 平成14年7月9日(2002.7.9)

(51) Int.Cl. ⁷	識別記号	F I	テマコード(参考)
C 1 2 N 15/09	Z N A	C 0 7 K 14/34	2 G 0 4 5
		16/12	4 B 0 2 4
C 0 7 K 14/34		16/40	4 B 0 2 9
16/12		C 1 2 M 1/00	A 4 B 0 5 0
16/40		C 1 2 N 1/15	4 B 0 6 3
審査請求 未請求 請求項の数68 書面 (全 182 頁) 最終頁に続く			

(21) 出願番号 特願2000-405096(P2000-405096)

(22) 出願日 平成12年12月15日(2000.12.15)

(31) 優先権主張番号 特願平11-377484

(32) 優先日 平成11年12月16日(1999.12.16)

(33) 優先権主張国 日本(J P)

(31) 優先権主張番号 特願2000-159162(P2000-159162)

(32) 優先日 平成12年4月7日(2000.4.7)

(33) 優先権主張国 日本(J P)

(31) 優先権主張番号 特願2000-280988(P2000-280988)

(32) 優先日 平成12年8月3日(2000.8.3)

(33) 優先権主張国 日本(J P)

(71) 出願人 000001029

協和醗酵工業株式会社

東京都千代田区大手町1丁目6番1号

(72) 発明者 中川 智

東京都町田市旭町3丁目6番6号 協和醗

酵工業株式会社東京研究所内

(72) 発明者 溝口 寛

東京都町田市旭町3丁目6番6号 協和醗

酵工業株式会社東京研究所内

(74) 代理人 100105647

弁理士 小栗 昌平 (外4名)

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 新規ポリヌクレオチド

(57) 【要約】

【課題】 産業上有用なコリネ型細菌由来のポリヌクレオチドおよびポリペプチド、該ポリヌクレオチドおよびポリペプチドの配列情報、該微生物の解析方法、該解析に用いる装置およびシステム、および該微生物の育種法。

【解決手段】 コリネ型細菌に属する微生物由来のポリヌクレオチドおよびその断片、該ポリヌクレオチドおよびその断片よりコードされるポリペプチド、該ポリヌクレオチドおよびその断片を含むポリヌクレオチドアレイ、該ポリヌクレオチドおよびその断片の塩基配列を記録したコンピュータで読みとり可能な記録媒体およびそれらの使用、ならびに該ポリヌクレオチドおよび/またはペプチド配列情報を用いた比較方法。

【特許請求の範囲】

【請求項1】 [1] コリネ型細菌の変異株由来の遺伝子の変異点の同定、[2] コリネ型細菌由来の遺伝子の発現量を測定、[3] コリネ型細菌由来の遺伝子の発現プロファイルの解析、[4] コリネ型細菌由来の遺伝子の発現パターンを分析、または[5] 被検遺伝子と相同な遺伝子をコリネ型細菌で検索するための、下記(a)～(d)の工程を有する方法；

(a) 配列番号1～3501のいずれかに示される塩基配列からなる第1のポリヌクレオチド類、該ポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズする第2のポリヌクレオチド類、または第1または第2のポリヌクレオチド類の連続する少なくとも10～200塩基配列からなる第3のポリヌクレオチド類からなる群から選ばれる2種類以上のポリヌクレオチドを固体支持体に固着し、ポリヌクレオチドアレイを作製する工程、(b) 該ポリヌクレオチドアレイに固着されたポリヌクレオチドと、コリネ型細菌由来の標識化ポリヌクレオチド、コリネ型細菌の変異株由来の標識化ポリヌクレオチドまたは被検標識化ポリヌクレオチドの少なくとも一つとをハイブリダイズ条件下でインキュベートする工程、(c) ハイブリダイゼーションを検出する検出工程、および(d) ハイブリダイゼーション結果を解析する解析工程。

【請求項2】 コリネ型細菌が、*Corynebacterium* 属、*Brevibacterium* 属、または *Microbacterium* 属に属する微生物である、請求項1記載の方法。

【請求項3】 *Corynebacterium* 属に属する微生物が *Corynebacterium glutamicum*、*Corynebacterium acetophilum*、*Corynebacterium acetoglutamicum*、*Corynebacterium callunae*、*Corynebacterium herculis*、*Corynebacterium lilium*、*Corynebacterium melassecola*、*Corynebacterium thermoaminogenes*、および *Corynebacterium ammoniagenes* から選ばれる微生物である、請求項2記載の方法。

【請求項4】 コリネ型細菌由来の該ポリヌクレオチド、コリネ型細菌の変異株由来の該ポリヌクレオチドまたは該被検ポリヌクレオチドが、アミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種の生合成に関わる遺伝子である請求項1記載の方法。

【請求項5】 該被検ポリヌクレオチドが *Escherichia coli* 由来である、請求項1記載の方法。

【請求項6】 配列番号1～3501のいずれかに示される塩基配列からなる第1のポリヌクレオチド類、該第1のポリヌクレオチド類とストリンジェントな条件下でハイブリダイズする第2のポリヌクレオチド類、または第1または第2のポリヌクレオチド類の連続する少なくとも10～200塩基配列からなる第3のポリヌクレオチド類からなる群の中から選ばれる2種類以上のポリヌクレオチ

ドを、固体支持体に固着したポリヌクレオチドアレイ。

【請求項7】 配列番号1に示される塩基配列からなるポリヌクレオチドまたは該ポリヌクレオチドと80%以上の相同性を有するポリヌクレオチド。

【請求項8】 配列番号2～3431のいずれかに示される塩基配列からなるポリヌクレオチドまたは該ポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチド。

【請求項9】 配列番号3502～6931のいずれかに示されるアミノ酸配列を有するポリペプチドをコードするポリヌクレオチドまたは該ポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチド。

【請求項10】 配列番号1に示される塩基配列を有するポリヌクレオチドにおいて、配列番号2～3431から選ばれる塩基配列を有するポリヌクレオチドの5' 上流または3' 下流に位置し、該ポリヌクレオチドの発現を調節する活性を有するポリヌクレオチド。

【請求項11】 請求項7～10のいずれか1項に記載のポリヌクレオチドが有する塩基配列中の連続する少なくとも10～200塩基からなる配列を有するポリヌクレオチドまたは該ポリヌクレオチドと相補的な配列を有するポリヌクレオチド。

【請求項12】 請求項8～11のいずれか1項に記載のポリヌクレオチドを含む組換え体DNA。

【請求項13】 請求項8～11のいずれか1項に記載のポリヌクレオチドまたは請求項12記載の組換え体DNAを含む形質転換体。

【請求項14】 請求項13記載の形質転換体を培地に培養し、培養物中に請求項8または9に記載のポリヌクレオチドにコードされるポリペプチドを生成蓄積させ、該培養物から該ポリペプチドを採取することを特徴とする該ポリペプチドの製造方法。

【請求項15】 請求項13記載の形質転換体を培地に培養し、培養物中にアミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種を生成蓄積させ、該培養物からアミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種を採取することを特徴とするアミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種の製造法。

【請求項16】 配列番号2～3431から選ばれる塩基配列を有するポリヌクレオチドにコードされるポリペプチド。

【請求項17】 配列番号3502～6931から選ばれるアミノ酸配列を有するポリペプチド。

【請求項18】 請求項16または17記載のポリペプチドのアミノ酸配列において1以上のアミノ酸残基が欠失、置換、挿入若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつアミノ酸残基が欠失、置換、挿入若しくは付加されていない該ポリペプチドの有する活性と実質的に同

一の活性を有するポリペプチド。

【請求項19】 請求項16または17記載のポリペプチドのアミノ酸配列と60%以上の相同性を有するアミノ酸配列を含み、かつ該ポリペプチドの有する活性と実質的に同一の活性を有するポリペプチド。

【請求項20】 請求項16～19のいずれか1項に記載のポリペプチドを認識する抗体。

【請求項21】 請求項16～19に記載のポリペプチドおよび該ポリペプチドの部分断片ポリペプチドから選ばれるポリペプチドまたは部分断片ポリペプチドを1種類以上、個体支持体に固着したポリペプチドアレイ。

【請求項22】 請求項16～19に記載のポリペプチドおよび該ポリペプチドの部分断片ポリペプチドから選ばれるポリペプチドまたは部分断片ポリペプチドを認識する抗体を1種類以上、個体支持体に固着したポリペプチドアレイ。

【請求項23】 コリネ型細菌由来の標的配列または標的構造モチーフを同定するための、下記(i)～(iv)の手段を備えることを特徴とするコンピュータを用いたシステム；

(i)配列番号1～3501から選ばれる1以上の塩基配列情報、および標的配列または標的構造モチーフ情報を入力するための入力手段、(ii)入力された情報を少なくとも一時的に記録するためのデータ記録手段、(iii)該データ記録手段により記録された、配列番号1～3501から選ばれる1以上の塩基配列情報と標的配列または標的構造モチーフ情報とを比較し、標的配列または標的構造モチーフ情報と一致または類似する塩基配列情報を検索または解析するコンパレータ手段、および(iv)該コンパレータ手段により得られた検索または解析結果を表示するための出力手段。

【請求項24】 コリネ型細菌由来の標的配列または標的構造モチーフを同定するための、下記(i)～(iv)の工程を含むことを特徴とするコンピュータを用いた方法；

(i)配列番号1～3501から選ばれる1以上の塩基配列情報、および標的配列または標的構造モチーフ情報を入力する工程、(ii)入力された情報を少なくとも一時的に記録する工程、(iii)配列番号1～3501から選ばれる1以上の塩基配列情報と標的配列または標的構造モチーフ情報とを比較する工程、および(iv)標的配列または標的構造モチーフ情報と一致または類似する塩基配列情報を検索または解析する工程。

【請求項25】 コリネ型細菌由来の標的配列または標的構造モチーフを同定するための、下記(i)～(iv)の手段を備えることを特徴とするコンピュータを用いたシステム；

(i)配列番号3502～7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列情報、および標的配列または標的構造モチーフ情報を入力するための入力手段、(ii)入力された情報を少なくとも一時的に記録するためのデータ記録手段、(iii)

該データ記録手段により記録された、配列番号3502～7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列情報と標的配列または標的構造モチーフ情報とを比較し、標的配列または標的構造モチーフ情報と一致または類似するアミノ酸配列情報を検索または解析するコンパレータ手段、および(iv)該コンパレータ手段により得られた検索または解析結果を表示するための出力手段。

【請求項26】 コリネ型細菌由来の標的配列または標的構造モチーフを同定するための、下記(i)～(iv)の工程を含有することを特徴とするコンピュータを用いた方法；

(i)配列番号3502～7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列情報、および標的配列または標的構造モチーフ情報を入力するための入力する工程、(ii)入力された情報を少なくとも一時的に記録する工程、(iii)該データ記録手段により記録された、配列番号3502～7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列情報と標的配列または標的構造モチーフ情報とを比較する工程、および(iv)標的配列または標的構造モチーフ情報と一致または類似するアミノ酸配列情報を検索または解析する工程。

【請求項27】 コリネ型細菌由来の標的塩基配列を有するポリヌクレオチドにコードされるポリペプチドの機能を決定するための、下記(i)～(iv)の手段を備えることを特徴とするコンピュータを用いたシステム；

(i)配列番号2～3501から選ばれる1以上の塩基配列情報および該塩基配列がコードするポリペプチドの機能情報、並びに標的塩基配列情報を入力するための入力手段、(ii)入力された情報を少なくとも一時的に記録するためのデータ記録手段、(iii)該データ記録手段により記録された、配列番号2～3501から選ばれる1以上の塩基配列情報と標的塩基配列情報とを比較し、配列番号2～3501から選ばれる1以上の塩基配列を有するポリヌクレオチドと一致または類似する標的塩基配列を有するポリヌクレオチドがコードするポリペプチドの機能を決定するコンパレータ手段、および(iv)該コンパレータ手段により得られた機能を表示するための出力手段。

【請求項28】 コリネ型細菌由来の標的塩基配列を有するポリヌクレオチドにコードされるポリペプチドの機能を決定するための、下記(i)～(iv)の工程を含むことを特徴とするコンピュータを用いた方法；

(i)配列番号2～3501から選ばれる1以上の塩基配列情報および該塩基配列がコードするポリペプチドの機能情報、並びに標的塩基配列情報を入力する工程、(ii)入力された情報を少なくとも一時的に記録する工程、(iii)該データ記録手段により記録された、配列番号2～3501から選ばれる1以上の塩基配列情報と標的塩基配列情報とを比較する工程、(iv)配列番号2～3501から選ばれる1以上のアミノ酸配列を有するポリヌクレオチドと一致または類似する標的塩基配列を有するポリヌクレオチドがコードするポリペプチドの機能を決定する工程。

【請求項 29】 コリネ型細菌由来の標的アミノ酸配列を有するポリペプチドの機能を決定するための、下記(i)～(iv)の手段を備えることを特徴とするコンピュータを用いたシステム；

(i) 配列番号3502～7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列情報および該配列に基づく機能情報、並びに標的アミノ酸配列情報を入力するための入力手段、(ii) 入力された情報を少なくとも一時的に記録するためのデータ記録手段、(iii) 該データ記録手段により記録された、配列番号3502～7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列情報と標的アミノ酸配列情報とを比較し、配列番号3502～7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列を有するポリペプチドと一致または類似する標的アミノ酸配列を有するポリペプチドの機能を決定するコンパレータ手段、および(iv) 該コンパレータ手段により得られた機能を表示するための出力手段。

【請求項 30】 コリネ型細菌由来の標的アミノ酸配列を有するポリペプチドの機能を決定するための、下記(i)～(iv)の工程を含むコンピュータを用いた方法；

(i) 配列番号3502～7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列情報および該配列に基づく機能情報、並びに標的アミノ酸配列情報を入力する工程、(ii) 入力された情報を少なくとも一時的に記録する工程、(iii) 該データ記録手段により記録された、配列番号3502～7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列情報と標的アミノ酸配列情報とを比較する工程、および(iv) 配列番号3502～7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列を有するポリペプチドと一致または類似する標的アミノ酸配列を有するポリペプチドの機能を決定する工程。

【請求項 31】 コリネ型細菌が、*Corynebacterium* 属、*Brevibacterium* 属、または *Microbacterium* 属に属する微生物である、請求項 23、25、27 および 29 のいずれか1項に記載のシステム。

【請求項 32】 コリネ型細菌が、*Corynebacterium* 属、*Brevibacterium* 属、または *Microbacterium* 属に属する微生物である、請求項 24、26、28 および 30 のいずれか1項に記載の方法。

【請求項 33】 *Corynebacterium* 属に属する微生物が *Corynebacterium glutamicum*、*Corynebacterium acetoacidophilum*、*Corynebacterium acetoglutamicum*、*Corynebacterium callunae*、*Corynebacterium herculis*、*Corynebacterium lilium*、*Corynebacterium melassecola*、*Corynebacterium thermoaminogenes*、および *Corynebacterium ammoniagenes* から選ばれる微生物である、請求項 31 項記載のシステム。

【請求項 34】 *Corynebacterium* 属に属する微生物が *Corynebacterium glutamicum*、*Corynebacterium acetoacidophilum*、*Corynebacterium acetoglutamicum*、*Corynebacterium callunae*、*Corynebacterium herculis*、*Corynebacterium lilium*、*Corynebacterium melassecola*、*C*

orynebacterium thermoaminogenes、および *Corynebacterium ammoniagenes* から選ばれる微生物である、請求項 32 項記載の方法。

【請求項 35】 配列番号1～3501から選ばれる1以上の塩基配列情報または該配列に基づく機能情報を記録したコンピュータで読み取り可能な記録媒体であって、請求項 23 または 27 記載のシステムまたは請求項 24 または 28 記載の方法に用いることのできる記録媒体または記憶装置。

【請求項 36】 配列番号3502～7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列情報または該配列に基づく機能情報を記録したコンピュータで読み取り可能な記録媒体であって、請求項 25 または 29 記載のシステムまたは請求項 26 または 30 記載の方法に用いることのできる記録媒体または記憶装置。

【請求項 37】 コンピューターで読み取り可能な媒体が、フロッピー（登録商標）ディスク、ハードディスク、磁気テープ、ランダムアクセスメモリ (RAM)、読み出し専用メモリ (ROM)、磁気光学ディスク (MO)、CD-ROM、CD-R、CD-RW、DVD-ROM、DVD-RAM および DVD-RW からなる群から選ばれる請求項 35 または 36 記載のコンピュータで読み取り可能な記録媒体または記憶装置。

【請求項 38】 コリネ型細菌由来のホモセリンデヒドロゲナーゼにおいて、N末端から59番目のVal残基が他のアミノ酸残基に置換されたアミノ酸配列を有するホモセリンデヒドロゲナーゼ活性を有するポリペプチド。

【請求項 39】 配列番号6952記載のアミノ酸配列の59番目のVal残基が他のアミノ酸残基に置換されたアミノ酸配列を有するポリペプチド。

【請求項 40】 ポリペプチドが、59番目のVal残基がAla残基に置換されたアミノ酸配列を有するポリペプチドである、請求項 38 または 39 記載のポリペプチド。

【請求項 41】 コリネ型細菌由来のビルビン酸カルボキシラーゼにおいて、N末端から458番目のPro残基が他のアミノ酸残基に置換されたアミノ酸配列を有するビルビン酸カルボキシラーゼ活性を有するポリペプチド。

【請求項 42】 配列番号4265記載のアミノ酸配列の458番目のPro残基が他のアミノ酸残基に置換されたアミノ酸配列を有するポリペプチド。

【請求項 43】 ポリペプチドが、458番目のPro残基がSer残基に置換されたアミノ酸配列を有するポリペプチドである、請求項 41 または 42 記載のポリペプチド。

【請求項 44】 ポリペプチドが、*Corynebacterium glutamicum* 由来のポリペプチドである、請求項 38～43 のいずれか1項に記載のポリペプチド。

【請求項 45】 請求項 38～44 のいずれか1項に記載のポリペプチドをコードするDNA。

【請求項 46】 請求項 45 に記載のDNAを含む組換え体DNA。

【請求項 47】 請求項 46 に記載の組換え体DNAを

含む形質転換体。

【請求項48】 請求項45に記載のDNAが染色体に組み込まれた形質転換体。

【請求項49】 形質転換体が、コリネ型細菌である、請求項47または48記載の形質転換体。

【請求項50】 コリネ型細菌が、*Corynebacterium glutamicum*である、請求項49記載の形質転換体。

【請求項51】 請求項47～50のいずれか1項に記載の形質転換体を培地に培養し、培養物中にL-リジンを生成蓄積させ、該培養物からL-リジンを採取することを特徴とする、L-リジンの製造法。

【請求項52】 配列番号1～3431に示される塩基配列情報を用いた、下記(i)～(iv)の工程を有するコリネ型細菌の育種方法；

(i) アミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種の化合物を発酵法により生産できるように変異育種された、コリネ型細菌由来の生産菌株のゲノムまたは遺伝子の塩基配列と、配列番号1～3431内の対応する塩基配列とを比較する工程、(ii) (i)で得られた比較の結果より、上記生産菌株に存在する変異点を同定する工程、(iii) (ii)の工程で同定した変異点を、該変異を有しないコリネ型細菌に導入する工程、および(iv) (iii)の工程で得られたコリネ型細菌の、(i)で選ばれた化合物の発酵法による生産性を調べる工程。

【請求項53】 遺伝子が、生合成経路あるいはシグナル伝達経路上の酵素をコードする遺伝子である、請求項52記載の育種方法。

【請求項54】 変異点が生産性を向上または安定化させる有効変異に関わる変異点である、請求項52記載の育種方法。

【請求項55】 配列番号1～3431に示される塩基配列情報を用いた、下記(i)～(iv)の工程を有するコリネ型細菌の育種方法；

(i) アミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種の化合物を発酵法により生産できるように変異育種された、コリネ型細菌由来の生産菌株のゲノムまたは遺伝子の塩基配列と、配列番号1～3431内の対応する塩基配列とを比較する工程、(ii) (i)で得られた比較の結果より、上記生産菌株に存在する変異点を同定する工程、(iii) (ii)の工程で同定した変異点を、該変異を有するコリネ型細菌から除去する工程、および(iv) (iii)の工程で得られたコリネ型細菌の、(i)で選ばれた化合物の発酵法による生産性を調べる工程。

【請求項56】 遺伝子が、生合成経路あるいはシグナル伝達経路上の酵素をコードする遺伝子である、請求項55記載の育種方法。

【請求項57】 変異点が、生産性を低下あるいは不安定にさせる変異に関わる変異点である、請求項55記載

の育種方法。

【請求項58】 配列番号2～3431に示される塩基配列情報を用いた、下記(i)～(iv)の工程を有するコリネ型細菌の育種方法；

(i) アミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種の化合物の生合成に関与するアイソザイムを配列番号2～3431に示される塩基配列情報に基づき同定する工程、(ii) (i)の工程で同定したアイソザイムを同じ活性を有するアイソザイムに分類する工程、(iii) 同じ活性を有するアイソザイムコードしている全ての遺伝子を一括して変異させる工程、および(iv) (iii)の工程で得られた遺伝子を用いて形質転換したコリネ型細菌の、(i)で選ばれた化合物の発酵法による生産性を調べる工程。

【請求項59】 配列番号2～3431に示される塩基配列情報を用いた、下記(i)～(v)の工程を有するコリネ型細菌の育種方法；

(i) 配列番号2～3431で示されるオープンリーディングフレーム(ORF)の機能情報を整理する工程
(ii) 公知の生合成経路あるいはシグナル伝達経路上の酵素に、該整理されたORFを対応させる工程
(iii) コリネ型細菌において知られている生合成経路あるいはシグナル伝達経路に関する情報と組み合わせ、不明であったコリネ型細菌における生合成経路およびシグナル伝達経路を解明する工程、
(iv) (iii)の工程で解明された経路と所望の有用生産物の生合成経路とを比較する工程、および
(v) (iv)の工程で所望の有用生産物の生合成に重要と判断される経路を強化するために、または(iv)の工程で所望の有用生産物の生合成には重要ではない経路を弱めるために、配列番号2～3431に示される塩基配列情報に基づき遺伝子工学的手法によりコリネ型細菌を変異させる工程。

【請求項60】 請求項52～59のいずれか1項に記載の育種方法により得られるコリネ型細菌。

【請求項61】 コリネ型細菌が、*Corynebacterium*属、*Brevibacterium*属、または*Microbacterium*属に属する微生物である、請求項60記載のコリネ型細菌。

【請求項62】 *Corynebacterium*属に属する微生物が*Corynebacterium glutamicum*、*Corynebacterium acetoacidophilum*、*Corynebacterium acetoglutamicum*、*Corynebacterium callunae*、*Corynebacterium herculis*、*Corynebacterium lilium*、*Corynebacterium melassecola*、*Corynebacterium thermoaminogenes*、および*Corynebacterium ammoniagenes*から選ばれる微生物である、請求項61項記載のコリネ型細菌。

【請求項63】 請求項60～62のいずれか1項に記載のコリネ型細菌を培地に培養し、培養物中にアミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種の化合物を生成蓄積さ

せ、該培養物から該化合物を採取することを特徴とする該化合物の製造法。

【請求項64】 化合物がレーリジンである請求項63記載の製造方法。

【請求項65】 プロテオーム解析に基づく、下記(i)～(vi)工程を有する有用変異に関わる蛋白質の同定方法；

(i)アミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種の化合物を発酵法により生産できるように変異育種された、コリネ型細菌由来の生産菌株および該生産菌株の親株の菌体よりそれぞれ菌体由来の蛋白質を調製する工程、(ii)(i)の工程で調製した蛋白質を2次元電気泳動法により分離する工程、(iii)分離された蛋白質を検出し、生産菌株由来の蛋白質と親株由来の蛋白質の各発現量を比較する工程、(iv)比較の結果、異なる発現量を示す蛋白質をペプチダーゼで処理し、ペプチド断片を抽出する工程、(v)(iv)の工程で得られたペプチド断片のアミノ酸配列を解析する工程、および(vi)(v)の工程で得られたアミノ酸配列と配列番号3502～7001に記載のアミノ酸配列とを比較し、該アミノ酸配列を有する蛋白質を同定する工程。

【請求項66】 コリネ型細菌が、*Corynebacterium* 属、*Brevibacterium* 属、または *Microbacterium* 属に属する微生物である、請求項65記載の同定方法。

【請求項67】 *Corynebacterium* 属に属する微生物が *Corynebacterium glutamicum*、*Corynebacterium acetosidophilum*、*Corynebacterium acetoglutamicum*、*Corynebacterium callunae*、*Corynebacterium herculis*、*Corynebacterium lilium*、*Corynebacterium melassecola*、*Corynebacterium thermoaminogenes*、および *Corynebacterium ammoniagenes* から選ばれる微生物である、請求項66項記載の同定方法。

【請求項68】 *Corynebacterium glutamicum* AHP-3 (FERM BP-7382)。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】本発明はコリネ型細菌 (*coryneform bacteria*) に属する微生物由来のポリヌクレオチドおよびその断片、該ポリヌクレオチドおよびその断片よりコードされるポリペプチド、該ポリヌクレオチドおよびその断片を含むポリヌクレオチドアレイ、該ポリヌクレオチドおよびその断片の塩基配列を記録したコンピュータで読みとり可能な記録媒体およびそれらの使用、ならびに該ポリヌクレオチドおよび／またはペプチド配列情報を用いた比較方法に関する。

【0002】

【従来の技術】コリネ型細菌はアミノ酸、核酸、ビタミン、糖 (例えばリブース)、有機酸 (例えばピルビン酸)、および上記物質の類縁体 (例えばN-アセチルアミノ酸) 等の様々な有用物質の生産に利用され産業上非

常に有用な微生物であり、多数の変異株が知られている。例えば、*Corynebacterium glutamicum* はグルタミン酸生産菌として同定されたグラム陽性バクテリアであり、その変異株により多くのアミノ酸が生産されている。例えば、旨味調味料として有用なL-グルタミン酸は全世界で年間100万トン、家畜飼料の添加物等に重要なL-リジンは年間25万トン、それ以外にもL-アルギニン、L-プロリン、L-グルタミン、L-トリプトファン等のアミノ酸がこの菌により各々年間数百トン以上のスケールで生産されている (日経バイオ年鑑99、日経BP社製、1998)。

【0003】*Corynebacterium glutamicum* によるアミノ酸生産は、おもに代謝経路およびその調節機構が変化した変異株 (代謝変異株) により行われている。一般に生物は、必要量以上のアミノ酸を作らないように、さまざまな代謝調節機構を有している。例えば、L-リジンの生合成において、*Corynebacterium* 属に属する微生物では、リジンおよびスレオニン、メチオニンの共通生合成酵素アスパルトキナーゼに対するリジンとスレオニンによる協奏的な活性阻害により、過剰生産が起こらないように調節されている [J. Biochem., 65, 849-859 (1969)]。またアルギニンについては、その生合成酵素遺伝子の発現量がアルギニンにより抑制され、過剰生産が起こらないように調節されている [Microbiology, 142, 99-108 (1996)]。アミノ酸生産変異株では、このような代謝調節機構が解除されていると考えられている。核酸、ビタミン、糖、有機酸、および上記物質の類縁体等の生産変異株についても同様に代謝制御の解除により目的産物の生産性を向上させている。

【0004】しかしながら、大腸菌や枯草菌等と比べて、コリネ型細菌に関しては、基本的な遺伝学的、生化学的、分子生物学的な知識の集積が十分とは言えず、アミノ酸生産変異株における変異遺伝子についても、ごくわずかな知見しかない。このように、これら微生物においては未だ知られていないさまざまな生育、および代謝調節機構が存在している。*Corynebacterium glutamicum* ATCC13032株に関しては、染色体の物理地図が作成され、ゲノムサイズが約3,100キロベースであることが報告されている [Mol. Gen. Genet., 252, 255-265 (1996)]。通常のパクテリアの遺伝子密度から算定すると、この約3,100キロベースのゲノム中には約3,000の遺伝子が存在すると予想され、*Corynebacterium glutamicum* では、アミノ酸生合成遺伝子を中心として百程度の遺伝子しか知られておらず、大部分の遺伝子について塩基配列は未だ解明されていない。

【0005】近年、いくつかの微生物、例えば大腸菌、結核菌、酵母等についてそのゲノムの全塩基配列決定が報告されている [Science, 277, 1453-62 (1997), Nature, 393, 537-544 (1998), Nature, 387, 5-105 (1997)]。決定された全塩基配列に基づき、遺伝子領域の推

定、公知の遺伝子との塩基配列と比較が行われており、遺伝学的、生化学的、分子生物学的な実験をすることなく、膨大な数の遺伝子の機能の推定がなされている。また近年、遺伝子あるいは遺伝子領域以外のゲノム領域の部分核酸断片を固体支持体に固着したDNAチップあるいはDNAアレイ等を用い、膨大な数の遺伝子について発現状況を同時に見たり、変異を検出する技術が開発され、酵母、結核菌、およびBCGワクチンに用いられる *Mycobacterium bovis* 等の微生物の解析に成果を上げている [Science, 278, 680-686 (1997), Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 96, 12833-38 (1999), Science, 284, 152 0-23 (1999)]。

【0006】

【発明が解決しようとする課題】本発明の目的は、産業上有用なコリネ型細菌由来のポリヌクレオチドおよびポリペプチド、該ポリヌクレオチドおよびポリペプチドの配列情報、該微生物の解析方法、該解析に用いる装置およびシステム、および該微生物の育種法を提供することにある。

【0007】

【課題を解決するための手段】本発明者らは、*Corynebacterium glutamicum* 由来の全塩基配列を決定することにより、未だ同定されていない遺伝子領域の特定、公知遺伝子の塩基配列および公知遺伝子に由来するアミノ酸配列との比較による該微生物由来の未知遺伝子の機能推定、該微生物による有用生産物の代謝調節機構の推定による有用な生産変異株の取得が可能と考え、鋭意研究を重ねた結果、全ゲノムショットガン法を適用することにより *Corynebacterium glutamicum* のゲノムの全ての塩基配列を決定することができることを見出し、本発明を完成するに至った。

【0008】本発明は、コリネ型細菌由来のポリヌクレオチドおよびオリゴヌクレオチド、該ポリヌクレオチドおよびオリゴヌクレオチドを固着したオリゴヌクレオチドアレイ、ポリヌクレオチドにコードされるポリペプチド、該ポリペプチドを認識する抗体、該ポリペプチドまたは該抗体を固着したポリペプチドアレイ、該ポリヌクレオチドおよびオリゴヌクレオチドの塩基配列並びに該ポリペプチドのアミノ酸配列を記録したコンピュータで読みとり可能な記録媒体および該記録媒体を用いるコンピュータを用いたシステム、ならびに該ポリヌクレオチドおよび／またはポリペプチド配列情報を用いた比較方法を提供するものである。

【0009】本発明は、以下の(1)～(68)に関する。

(1) [1] コリネ型細菌の変異株由来の遺伝子の変異点の同定、[2] コリネ型細菌由来の遺伝子の発現量を測定、[3] コリネ型細菌由来の遺伝子の発現プロファイルの解析、[4] コリネ型細菌由来の遺伝子の発現パターンを分析、または[5] 被検遺伝子と相同な遺伝

子をコリネ型細菌で検索するための、下記(a)～(d)の工程を有する方法；

(a) 配列番号1～3501のいずれかに示される塩基配列からなる第1のポリヌクレオチド類、該ポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズする第2のポリヌクレオチド類、または第1または第2のポリヌクレオチド類の連続する少なくとも10～200塩基配列からなる第3のポリヌクレオチド類からなる群から選ばれる2種類以上のポリヌクレオチドを固体支持体に固着し、ポリヌクレオチドアレイを作製する工程、(b) 該ポリヌクレオチドアレイに固着されたポリヌクレオチドと、コリネ型細菌由来の原標化ポリヌクレオチド、コリネ型細菌の変異株由来の原標化ポリヌクレオチドまたは被検原標化ポリヌクレオチドの少なくとも一つとをハイブリダイズ条件下でインキュベートする工程、(c) ハイブリダイゼーションを検出する検出工程、および(d) ハイブリダイゼーション結果を解析する解析工程。ここで、2種類以上のポリヌクレオチドは、例えば、第1のポリヌクレオチド類から選ばれる2種類以上、第2のポリヌクレオチド類から選ばれる2種類以上、第3のポリヌクレオチド類から選ばれる2種類以上、第1、第2および第3のポリヌクレオチド類を組合わせて選ばれる2種類以上のいずれでもよい。

(2) コリネ型細菌が、*Corynebacterium* 属、*Brevibacterium* 属、または *Microbacterium* 属に属する微生物である、上記(1)記載の方法。

【0010】(3) *Corynebacterium* 属に属する微生物が *Corynebacterium glutamicum*、*Corynebacterium acetoacidophilum*、*Corynebacterium acetoglutamicum*、*Corynebacterium callunae*、*Corynebacterium herculis*、*Corynebacterium lilium*、*Corynebacterium melassecola*、*Corynebacterium thermoaminogenes*、および *Corynebacterium ammoniagenes* から選ばれる微生物である、上記(2)記載の方法。

(4) コリネ型細菌由来の該ポリヌクレオチド、コリネ型細菌の変異株由来の該ポリヌクレオチドまたは該被検ポリヌクレオチドが、アミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種の生合成に関わる遺伝子である上記(1)記載の方法。

(5) 該被検ポリヌクレオチドが *Escherichia coli* 由来である、上記(1)記載の方法。

(6) 配列番号1～3501のいずれかに示される塩基配列からなる第1のポリヌクレオチド類、該第1のポリヌクレオチド類とストリンジェントな条件下でハイブリダイズする第2のポリヌクレオチド類、または第1または第2のポリヌクレオチド類の連続する少なくとも10～200塩基配列からなる第3のポリヌクレオチド類からなる群の中から選ばれる2種類以上のポリヌクレオチドを、固体支持体に固着したポリヌクレオチドアレイ。ここ

で、2種類以上のポリヌクレオチドは、例えば、第1のポリヌクレオチド類から選ばれる2種類以上、第2のポリヌクレオチド類から選ばれる2種類以上、第3のポリヌクレオチド類から選ばれる2種類以上、第1、第2および第3のポリヌクレオチド類を組合わせて選ばれる2種類以上のいずれでもよい。

(7) 配列番号1に示される塩基配列からなるポリヌクレオチドまたは該ポリヌクレオチドと80%以上の相同性を有するポリヌクレオチド。

【0011】(8) 配列番号2~3431のいずれかに示される塩基配列からなるポリヌクレオチドまたは該ポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチド。

(9) 配列番号3502~6931のいずれかに示されるアミノ酸配列を有するポリペプチドをコードするポリヌクレオチドまたは該ポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチド。

(10) 配列番号1に示される塩基配列を有するポリヌクレオチドにおいて、配列番号2~3431から選ばれる塩基配列を有するポリヌクレオチドの5'上流または3'下流に位置し、該ポリヌクレオチドの発現を調節する活性を有するポリヌクレオチド。

(11) 上記(7)~(10)のいずれか1項に記載のポリヌクレオチドが有する塩基配列中の連続する少なくとも10~200塩基からなる配列を有するポリヌクレオチドまたは該ポリヌクレオチドと相補的な配列を有するポリヌクレオチド。

(12) 上記(8)~(11)のいずれか1項に記載のポリヌクレオチドを含む組換え体DNA。

(13) 上記(8)~(11)のいずれか1項に記載のポリヌクレオチドまたは上記(12)記載の組換え体DNAを含む形質転換体。

(14) 上記(13)記載の形質転換体を培地に培養し、培養物中に上記(8)または(9)に記載のポリヌクレオチドにコードされるポリペプチドを生成蓄積させ、該培養物から該ポリペプチドを採取することを特徴とする該ポリペプチドの製造方法。

【0012】(15) 上記(13)記載の形質転換体を培地に培養し、培養物中にアミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種を生成蓄積させ、該培養物からアミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種を採取することを特徴とするアミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種の製造法。

(16) 配列番号2~3431から選ばれる塩基配列を有するポリヌクレオチドにコードされるポリペプチド。

(17) 配列番号3502~6931から選ばれるアミノ酸配列を有するポリペプチド。

(18) 上記(16)または(17)記載のポリペ

チドのアミノ酸配列において1以上のアミノ酸残基が欠失、置換、挿入若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつアミノ酸残基が欠失、置換、挿入若しくは付加されていない該ポリペプチドの有する活性と実質的に同一の活性を有するポリペプチド。

(19) 上記(16)または(17)記載のポリペプチドのアミノ酸配列と60%以上の相同性を有するアミノ酸配列を含み、かつ該ポリペプチドの有する活性と実質的に同一の活性を有するポリペプチド。

【0013】(20) 上記(16)~(19)のいずれか1項に記載のポリペプチドを認識する抗体。

(21) 上記(16)~(19)に記載のポリペプチドおよび該ポリペプチドの部分断片ポリペプチドから選ばれるポリペプチドまたは部分断片ポリペプチドを1種類以上、個体支持体に固着したポリペプチドアレイ。

(22) 上記(16)~(19)に記載のポリペプチドおよび該ポリペプチドの部分断片ポリペプチドから選ばれるポリペプチドまたは部分断片ポリペプチドを認識する抗体を1種類以上、個体支持体に固着したポリペプチドアレイ。

【0014】(23) コリネ型細菌由来の標的配列または標的構造モチーフを同定するための、下記(i)~(iv)の手段を備えることを特徴とするコンピュータを用いたシステム；

(i)配列番号1~3501から選ばれる1以上の塩基配列情報、および標的配列または標的構造モチーフ情報を入力するための入力手段、(ii)入力された情報を少なくとも一時的に記録するためのデータ記録手段、(iii)該データ記録手段により記録された、配列番号1~3501から選ばれる1以上の塩基配列情報と標的配列または標的構造モチーフ情報とを比較し、標的配列または標的構造モチーフ情報と一致または類似する塩基配列情報を検索または解析するコンパレータ手段、および(iv)該コンパレータ手段により得られた検索または解析結果を表示するための出力手段。

(24) コリネ型細菌由来の標的配列または標的構造モチーフを同定するための、下記(i)~(iv)の工程を含むことを特徴とするコンピュータを用いた方法；

(i)配列番号1~3501から選ばれる1以上の塩基配列情報、および標的配列または標的構造モチーフ情報を入力する工程、(ii)入力された情報を少なくとも一時的に記録する工程、(iii)配列番号1~3501から選ばれる1以上の塩基配列情報と標的配列または標的構造モチーフ情報とを比較する工程、および(iv)標的配列または標的構造モチーフ情報と一致または類似する塩基配列情報を検索または解析する工程。

【0015】(25) コリネ型細菌由来の標的配列または標的構造モチーフを同定するための、下記(i)~(iv)の手段を備えることを特徴とするコンピュータを用いたシステム；

(i) 配列番号3502～7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列情報、および標的配列または標的構造モチーフ情報を入力するための入力手段、(ii) 入力された情報を少なくとも一時的に記録するためのデータ記録手段、(iii) 該データ記録手段により記録された、配列番号3502～7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列情報と標的配列または標的構造モチーフ情報とを比較し、標的配列または標的構造モチーフ情報と一致または類似するアミノ酸配列情報を検索または解析するコンパレータ手段、および(iv) 該コンパレータ手段により得られた検索または解析結果を表示するための出力手段。

【0016】(26) コリネ型細菌由来の標的配列または標的構造モチーフを同定するための、下記(i)～(iv)の工程を含有することを特徴とするコンピュータを用いた方法；

(i) 配列番号3502～7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列情報、および標的配列または標的構造モチーフ情報を入力するための入力する工程、(ii) 入力された情報を少なくとも一時的に記録する工程、(iii) 該データ記録手段により記録された、配列番号3502～7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列情報と標的配列または標的構造モチーフ情報とを比較する工程、および(iv) 標的配列または標的構造モチーフ情報と一致または類似するアミノ酸配列情報を検索または解析する工程。

【0017】(27) コリネ型細菌由来の標的塩基配列を有するポリヌクレオチドにコードされるポリペプチドの機能を決定するための、下記(i)～(iv)の手段を備えることを特徴とするコンピュータを用いたシステム；
(i) 配列番号2～3501から選ばれる1以上の塩基配列情報および該塩基配列がコードするポリペプチドの機能情報、並びに標的塩基配列情報を入力するための入力手段、(ii) 入力された情報を少なくとも一時的に記録するためのデータ記録手段、(iii) 該データ記録手段により記録された、配列番号2～3501から選ばれる1以上の塩基配列情報と標的塩基配列情報とを比較し、配列番号2～3501から選ばれる1以上の塩基配列を有するポリヌクレオチドと一致または類似する標的塩基配列を有するポリヌクレオチドがコードするポリペプチドの機能を決定するコンパレータ手段、および(iv) 該コンパレータ手段により得られた機能を表示するための出力手段。

【0018】(28) コリネ型細菌由来の標的塩基配列を有するポリヌクレオチドにコードされるポリペプチドの機能を決定するための、下記(i)～(iv)の工程を含むことを特徴とするコンピュータを用いた方法；

(i) 配列番号2～3501から選ばれる1以上の塩基配列情報および該塩基配列がコードするポリペプチドの機能情報、並びに標的塩基配列情報を入力する工程、(ii) 入力された情報を少なくとも一時的に記録する工程、(iii) 該データ記録手段により記録された、配列番号2～3501から選ばれる1以上の塩基配列情報と標的塩基配列情報

とを比較する工程、(iv) 配列番号2～3501から選ばれる1以上のアミノ酸配列を有するポリヌクレオチドと一致または類似する標的塩基配列を有するポリヌクレオチドがコードするポリペプチドの機能を決定する工程。

【0019】(29) コリネ型細菌由来の標的アミノ酸配列を有するポリペプチドの機能を決定するための、下記(i)～(iv)の手段を備えることを特徴とするコンピュータを用いたシステム；

(i) 配列番号3502～7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列情報および該配列に基づく機能情報、並びに標的アミノ酸配列情報を入力するための入力手段、(ii) 入力された情報を少なくとも一時的に記録するためのデータ記録手段、(iii) 該データ記録手段により記録された、配列番号3502～7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列情報と標的アミノ酸配列情報とを比較し、配列番号3502～7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列を有するポリペプチドと一致または類似する標的アミノ酸配列を有するポリペプチドの機能を決定するコンパレータ手段、および(iv) 該コンパレータ手段により得られた機能を表示するための出力手段。

【0020】(30) コリネ型細菌由来の標的アミノ酸配列を有するポリペプチドの機能を決定するための、下記(i)～(iv)の工程を含むコンピュータを用いた方法；

(i) 配列番号3502～7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列情報および該配列に基づく機能情報、並びに標的アミノ酸配列情報を入力する工程、(ii) 入力された情報を少なくとも一時的に記録する工程、(iii) 該データ記録手段により記録された、配列番号3502～7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列情報と標的アミノ酸配列情報とを比較する工程、および(iv) 配列番号3502～7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列を有するポリペプチドと一致または類似する標的アミノ酸配列を有するポリペプチドの機能を決定する工程。

【0021】(31) コリネ型細菌が、*Corynebacterium*属、*Brevibacterium*属、または*Microbacterium*属に属する微生物である、上記(23)、(25)、(27)および(29)のいずれか1項に記載のシステム。

(32) コリネ型細菌が、*Corynebacterium*属、*Brevibacterium*属、または*Microbacterium*属に属する微生物である、上記(24)、(26)、(28)および(30)のいずれか1項に記載の方法。

(33) *Corynebacterium*属に属する微生物が*Corynebacterium glutamicum*、*Corynebacterium acetoacidophilum*、*Corynebacterium acetoglutamicum*、*Corynebacterium callunae*、*Corynebacterium herculis*、*Corynebacterium lilium*、*Corynebacterium melassecola*、*Corynebacterium thermoaminogenes*、および*Corynebacterium ammoniagenes*から選ばれる微生物である、上記(31)項記載のシステム。

(34) Corynebacterium属に属する微生物がCorynebacterium glutamicum、Corynebacterium acetoacidophilum、Corynebacterium acetoglutamicum、Corynebacterium callunae、Corynebacterium herculis、Corynebacterium lilium、Corynebacterium melassecola、Corynebacterium thermoaminogenes、およびCorynebacterium ammoniagenesから選ばれる微生物である、上記(32)項記載の方法。

【0022】(35) 配列番号1~3501から選ばれる1以上の塩基配列情報または該配列に基づく機能情報を記録したコンピューターで読み取り可能な記録媒体であって、上記(23)または(27)記載のシステムまたは上記(24)または(28)記載の方法に用いることのできる記録媒体または記憶装置。

(36) 配列番号3502~7001から選ばれる1以上のアミノ酸配列情報または該配列に基づく機能情報を記録したコンピューターで読み取り可能な記録媒体であって、上記(25)または(29)記載のシステムまたは上記(26)または(30)記載の方法に用いることのできる記録媒体または記憶装置。

(37) コンピューターで読み取り可能な媒体が、フロッピーディスク、ハードディスク、磁気テープ、ランダムアクセスメモリ(RAM)、読み出し専用メモリ(ROM)、磁気光学ディスク(MO)、CD-ROM、CD-R、CD-RW、DVD-ROM、DVD-RAMおよびDVD-RWからなる群から選ばれる上記(35)または(36)記載のコンピューターで読み取り可能な記録媒体または記憶装置。

【0023】(38) コリネ型細菌由来のホモセリンデヒドロゲナーゼにおいて、N末端から59番目のVal残基が他のアミノ酸残基に置換されたアミノ酸配列を有するホモセリンデヒドロゲナーゼ活性を有するポリペプチド。

(39) 配列番号6952記載のアミノ酸配列の59番目のVal残基が他のアミノ酸残基に置換されたアミノ酸配列を有するポリペプチド。

(40) ポリペプチドが、59番目のVal残基がAla残基に置換されたアミノ酸配列を有するポリペプチドである、上記(38)または(39)記載のポリペプチド。

(41) コリネ型細菌由来のビルビン酸カルボキシラーゼにおいて、N末端から458番目のPro残基が他のアミノ酸残基に置換されたアミノ酸配列を有するビルビン酸カルボキシラーゼ活性を有するポリペプチド。

(42) 配列番号4265記載のアミノ酸配列の458番目のPro残基が他のアミノ酸残基に置換されたアミノ酸配列を有するポリペプチド。

(43) ポリペプチドが、458番目のPro残基がSer残基に置換されたアミノ酸配列を有するポリペプチドである、上記(41)または(42)記載のポリペプチド。

(44) ポリペプチドが、Corynebacterium glutamicum由来のポリペプチドである、上記(38)~(43)

のいずれか1項に記載のポリペプチド。

【0024】(45) 上記(38)~(44)のいずれか1項に記載のポリペプチドをコードするDNA。

(46) 上記(45)に記載のDNAを含む組換え体DNA。

(47) 上記(46)に記載の組換え体DNAを含む形質転換体。

(48) 上記(45)に記載のDNAが染色体に組み込まれた形質転換体。

(49) 形質転換体が、コリネ型細菌である、上記(47)または(48)記載の形質転換体。

(50) コリネ型細菌が、Corynebacterium glutamicumである、上記(49)記載の形質転換体。

(51) 上記(47)~(50)のいずれか1項に記載の形質転換体を培地に培養し、培養物中にL-リジンを生成蓄積させ、該培養物からL-リジンを採取することを特徴とする、L-リジンの製造法。

【0025】(52) 配列番号1~3431に示される塩基配列情報を用いた、下記(i)~(iv)の工程を有するコリネ型細菌の育種方法；

(i)アミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種の化合物を発酵法により生産できるように変異育種された、コリネ型細菌由来の生産菌株のゲノムまたは遺伝子の塩基配列と、配列番号1~3431内の対応する塩基配列とを比較する工程、(ii)(i)で得られた比較の結果より、上記生産菌株に存在する変異点を同定する工程、(iii)(ii)の工程で同定した変異点を、該変異を有しないコリネ型細菌に導入する工程、および(iv)(iii)の工程で得られたコリネ型細菌の、(i)で選ばれた化合物の発酵法による生産性を調べる工程。

(53) 遺伝子が、生合成経路あるいはシグナル伝達経路上の酵素をコードする遺伝子である、上記(52)記載の育種方法。

(54) 変異点が生産性を向上または安定化させる有効変異に関わる変異点である、上記(52)記載の育種方法。

【0026】(55) 配列番号1~3431に示される塩基配列情報を用いた、下記(i)~(iv)の工程を有するコリネ型細菌の育種方法；

(i)アミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種の化合物を発酵法により生産できるように変異育種された、コリネ型細菌由来の生産菌株のゲノムまたは遺伝子の塩基配列と、配列番号1~3431内の対応する塩基配列とを比較する工程、(ii)(i)で得られた比較の結果より、上記生産菌株に存在する変異点を同定する工程、(iii)(ii)の工程で同定した変異点を、該変異を有するコリネ型細菌から除去する工程、および(iv)(iii)の工程で得られたコリネ型細菌の、(i)で選ばれた化合物の発酵法による生

産性を調べる工程。

【0027】(56) 遺伝子が、生合成経路あるいはシグナル伝達経路上の酵素をコードする遺伝子である、上記(55)記載の育種方法。

(57) 変異点が、生産性を低下あるいは不安定にさせる変異に関わる変異点である、上記(55)記載の育種方法。

(58) 配列番号2~3431に示される塩基配列情報を用いた、下記(i)~(iv)の工程を有するコリネ型細菌の育種方法；

(i)アミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種の化合物の生合成に関与するアイソザイムを配列番号2~3431に示される塩基配列情報に基づき同定する工程、(ii) (i)の工程で同定したアイソザイムを同じ活性を有するアイソザイムに分類する工程、(iii)同じ活性を有するアイソザイムコードしている全ての遺伝子を一括して変異させる工程、および(iv) (iii)の工程で得られた遺伝子を用いて形質転換したコリネ型細菌の、(i)で選ばれた化合物の発酵法による生産性を調べる工程。

【0028】(59) 配列番号2~3431に示される塩基配列情報を用いた、下記(i)~(v)の工程を有するコリネ型細菌の育種方法；

(i)配列番号2~3431で示されるオープンリーディングフレーム(ORF)の機能情報を整理する工程
(ii)公知の生合成経路あるいはシグナル伝達経路上の酵素に、該整理されたORFを対応させる工程
(iii)コリネ型細菌において知られている生合成経路あるいはシグナル伝達経路に関する情報と組み合わせ、不明であったコリネ型細菌における生合成経路およびシグナル伝達経路を解明する工程、
(iv) (iii)の工程で解明された経路と所望の有用生産物の生合成経路とを比較する工程、および
(v) (iv)の工程で所望の有用生産物の生合成に重要と判断される経路を強化するために、または(iv)の工程で所望の有用生産物の生合成には重要ではない経路を弱めるために、配列番号2~3431に示される塩基配列情報に基づき遺伝子工学的手法によりコリネ型細菌を変異させる工程。

【0029】(60) 上記(52)~(59)のいずれか1項に記載の育種方法により得られるコリネ型細菌。

(61) コリネ型細菌が、*Corynebacterium*属、*Brevibacterium*属、または*Microbacterium*属に属する微生物である、上記(60)記載のコリネ型細菌。

(62) *Corynebacterium*属に属する微生物が*Corynebacterium glutamicum*、*Corynebacterium acetoacidophilum*、*Corynebacterium acetoglutamicum*、*Corynebacterium callunae*、*Corynebacterium herculis*、*Corynebacterium lilium*、*Corynebacterium melassecola*、*Corynebacterium thermoaminogenes*、および*Corynebacterium ammoniagenes*から選ばれる微生物である、上記(61)項記載のコリネ型細菌。

acterium thermoaminogenes、および*Corynebacterium ammoniagenes*から選ばれる微生物である、上記(61)項記載のコリネ型細菌。

(63) 上記(60)~(62)のいずれか1項に記載のコリネ型細菌を培地に培養し、培養物中にアミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種の化合物を生成蓄積させ、該培養物から該化合物を採取することを特徴とする該化合物の製造法。

(64) 化合物がレリジンである上記(63)記載の製造方法。

【0030】(65) プロテオーム解析に基づく、下記(i)~(vi)工程を有する有用変異に関わる蛋白質の同定方法；

(i)アミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種の化合物を発酵法により生産できるように変異育種された、コリネ型細菌由来の生産菌株および該生産菌株の親株の菌体よりそれぞれ菌体由来の蛋白質を調製する工程、(ii) (i)の工程で調製した蛋白質を2次元電気泳動法により分離する工程、(iii)分離された蛋白質を検出し、生産菌株由来の蛋白質と親株由来の蛋白質の各発現量を比較する工程、(iv)比較の結果、異なる発現量を示す蛋白質をペプチダーゼで処理し、ペプチド断片を抽出する工程、(v) (iv)の工程で得られたペプチド断片のアミノ酸配列を解析する工程、および(vi) (v)の工程で得られたアミノ酸配列と配列番号3502~7001に記載のアミノ酸配列とを比較し、該アミノ酸配列を有する蛋白質を同定する工程。
ここで、プロテオーム(proteome)とは、蛋白質(protein)とゲノム(genome)からなる造語で、遺伝子の発現をポリペプチドのレベルで調べる方法である。

【0031】(66) コリネ型細菌が、*Corynebacterium*属、*Brevibacterium*属、または*Microbacterium*属に属する微生物である、上記(65)記載の同定方法。

(67) *Corynebacterium*属に属する微生物が*Corynebacterium glutamicum*、*Corynebacterium acetoacidophilum*、*Corynebacterium acetoglutamicum*、*Corynebacterium callunae*、*Corynebacterium herculis*、*Corynebacterium lilium*、*Corynebacterium melassecola*、*Corynebacterium thermoaminogenes*、および*Corynebacterium ammoniagenes*から選ばれる微生物である、上記(66)項記載の同定方法。

(68) *Corynebacterium glutamicum* AHP-3 (FERM B P-7382)。

【0032】

【発明の実施の形態】以下、コリネ型細菌の全塩基配列決定に基づいて、本発明を詳細に説明する。

1. コリネ型細菌の全塩基配列決定

本発明でいうコリネ型細菌とは、Bergeys Manual of Determinative Bacteriology, 8, 599 (1974)に定義され

る、*Corynebacterium* 属、*Brevibacterium* 属、または *Microbacterium* 属に属する微生物をいう。具体的には、*Corynebacterium acetacidophilum*、*Corynebacterium acetoglutamicum*、*Corynebacterium callunae*、*Corynebacterium glutamicum*、*Corynebacterium herculis*、*Corynebacterium lilium*、*Corynebacterium melassecola*、*Corynebacterium thermoaminogenes*、*Brevibacterium saccharolyticum*、*Brevibacterium immariophilum*、*Brevibacterium roseum*、*Brevibacterium thiogenitalis*、*Microbacterium ammoniaphilum* 等をあげることができる。

【0033】より具体的には、*Corynebacterium acetacidophilum* ATCC13870、*Corynebacterium acetoglutamicum* ATCC15806、*Corynebacterium callunae* ATCC15991、*Corynebacterium glutamicum* ATCC13032、*Corynebacterium glutamicum* ATCC13060、*Corynebacterium glutamicum* ATCC13826 (旧属種 *Brevibacterium flavum*、あるいは *Corynebacterium lactofermentum*)、*Corynebacterium glutamicum* ATCC14020 (旧属種 *Brevibacterium divaricatum*)、*Corynebacterium glutamicum* ATCC13869 (旧属種 *Brevibacterium lactofermentum*)、*Corynebacterium herculis* ATCC13868、*Corynebacterium lilium* ATCC15990、*Corynebacterium melassecola* ATCC17965、*Corynebacterium thermoaminogenes* FERM9244、*Brevibacterium saccharolyticum* ATCC14066、*Brevibacterium immariophilum* ATCC14068、*Brevibacterium roseum* ATCC13825、*Brevibacterium thiogenitalis* ATCC19240、*Microbacterium ammoniaphilum* ATCC15354 をあげることができる。

【0034】(1) コリネ型細菌のゲノムDNAの調製
コリネ型細菌を通常の方法により培養する。培地として、該微生物が資化し得る炭素源、窒素源、無機塩類等を含有し、該微生物の培養を効率的に行える培地であれば天然培地、合成培地のいずれも用いることができる。例えば、*Corynebacterium glutamicum* では、該培地として、1% グリシンを含むBY培地 (7g/l 肉エキス、10g/l ペプトン、3g/l 塩化ナトリウム、5g/l 酵母エキス、pH7.2) 等をあげることができる。培養方法としては、25~35℃で終夜培養する。

【0035】培養後、培養液より、遠心分離により菌体を回収する。得られた菌体を洗浄液で洗浄する。該洗浄液として、例えば、STEバッファー (10.3% スクロース、25mmol/l Tris塩酸塩、25mmol/l エチレンジアミン四酢酸 (以下、EDTAと略記)、pH8.0) 等をあげることができる。該洗浄菌体からのゲノムDNAの取得は、リゾチームおよび界面活性剤であるSDS等を用いて該菌体の細胞壁を溶解後、フェノール溶液およびフェノール/クロロホルム溶液を用いて蛋白質等を除き、エタノール等を用いてゲノムDNAを沈殿させる一般的なゲノムDNAの取得法に準じて行うことができるが、具体的には以下の方法を例示することができる。

【0036】該洗浄菌体を、5~20mg/mlのリゾチームを含む洗浄液に懸濁し、振とう後、5~20% SDSを添加し溶菌させる。振とうは通常、25~40℃で、30分~2時間緩やかに行う。振とう後に60~70℃で5~15分間保持させることにより溶菌させることができる。溶菌後、常温まで冷却し、5~20mlのTris中和フェノールを加え、室温で15~45分間緩やかに振とうする。振とう後、遠心分離 (15,000×g、20分間、20℃) を行い、水層を分取する。

【0037】同様の操作でフェノール/クロロホルム抽出、クロロホルム抽出 (2回) を行った後、水層に1/10量の3mol/l酢酸ナトリウム溶液 (pH5.2)、2倍量のイソプロパノールを加え、緩やかに混和し、ゲノムDNAを沈殿させる。再びゲノムDNAを0.01~0.04mg/mlのRNaseを含む緩衝液に溶解する。該緩衝液として、例えば、TEバッファー (10mmol/l Tris塩酸塩、1mmol/l EDTA、pH8.0) をあげることができる。溶解後、25~40℃で20~50分間保持した後、上記と同様にフェノール抽出、フェノール/クロロホルム抽出、クロロホルム抽出を行う。抽出後、イソプロパノール沈殿を行い、生じたゲノムDNA沈殿を70%エタノールで洗浄した後、風乾し、TEバッファーに溶解することにより、ゲノムDNA溶液を取得することができる。

【0038】(2) ショットガンライブラリーの作製
上記(1)で調製したコリネ型細菌のゲノムDNAを用いてゲノムDNAライブラリーを作製する方法としては、Molecular Cloning, A laboratory Manual, Second Edition (1989) (以下、モレキュラー・クローニング第2版と略す) に記載の方法を用いることができるが、特にショットガン法による全塩基配列の決定に用いるのに適したゲノムDNAライブラリーの作製法としては、以下に記載の方法を例示する事ができる。

【0039】上記(1)で調製したコリネ型細菌のゲノムDNA 0.01mgを、全量0.4mlになるように、TEバッファー等の緩衝液を加え、ソニケーター (yamato powersonic model 50) を用い、1~10 kbの断片に断断する。ソニケーターの処理条件としては、出力20で連続5秒間処理する条件をあげることができる。得られたゲノムDNA断片の末端を、DNAブランディングキット (DNA blunting kit、宝酒造社製) 等を用いて平滑化する。平滑化したゲノム断片を、アガロースゲルまたはポリアクリルアミドゲル電気泳動等により分画し、1~2kbのゲノム断片をゲルから切り出す。該ゲルに、DNA溶出用の緩衝液、例えばMG溶出バッファー (0.5mol/l 酢酸アンモニウム、10mmol/l 酢酸マグネシウム、1mmol/l EDTA、0.1% SDS) 等を0.2~0.5ml加え、25~40℃で終夜振とうしてDNAを溶出する。

【0040】該DNA溶出液をフェノール/クロロホルム処理後、エタノール沈殿しゲノムライブラリーインサートを取得する。該インサートを、T4リガーゼ (T4 l

igase、宝酒造社製)等を用いて、適当なベクター、例えばpUC18 *Sma*I/BAP(Amersham Pharmacia Biotech社製)等にライゲーションする。ライゲーション条件としては、10~20℃で、20~50時間放置する条件をあげることができる。得られたライゲーション反応物をエタノール沈殿し、5~20μlのTEバッファーに溶解する。該ライゲーション溶液 0.5~2μlを用いて、常法に従い大腸菌を形質転換する。該形質転換の方法としては、大腸菌にELECTRO MAX DH10B (Life Technologies社製)を用いたエレクトロポレーション法を例示することができる。エレクトロポレーションは、添付実験書に記載の条件で行うことができる。

【0041】形質転換した大腸菌を、寒天を含有する適当な選択培地、例えばクローニングベクターにpUC18を用いた場合は、10~100mg/lのアンピシリンを含むLB平板培地〔寒天を1.6%含むLB培地(10g/l バクトトリプトン、5g/l 酵母エキス、10g/l 塩化ナトリウム、pH7.0)〕に塗布し、培養する。形質転換体は、該平板培地上に形成されるコロニーとして取得することができる。このとき、該平板培地にX-galおよびIPTG(イソプロピルーβ-チオガラクトピラノシド)を添加してこくことで、ゲノムDNAを含有する組換え体DNAを保有する形質転換株を白色コロニーとして選択することが可能である。

【0042】該形質転換体は、0.1mg/ml アンピシリンを含むLB培地を0.05mlずつ添加した96穴タイタープレート中で静置培養し、培養により得られた培養物は下記(4)の実験に用いることができる。また該培養液に20%グリセロールを含むLB培地を0.05mlずつ添加、混合することにより、該培養液は-80℃で保存することが可能で、要時に用いることができる。

【0043】(3) コスミドライブラリーの作成
上記(1)で調製したコリネ細菌のゲノムDNA 0.1mgを、制限酵素、例えばSau3AI等で部分消化し、10%スクロースバッファー(1mol/l NaCl、20mmol/l Tris塩酸塩、5mmol/l EDTA、10%スクロース、pH8.0)および40%スクロースバッファー(10%スクロースバッファーのスクロースの濃度を40%としたもの)を用いて作製した10~40%ショ糖密度勾配を用いて、超遠心分離(26,000rpm、18時間、20℃)を行う。遠心分離後、該分離液を1mlずつチューブに分取し、アガロースゲル電気泳動で各画分のDNA断片長を確認した後、約40 kbのDNA断片を多く含む画分をエタノール沈殿する。

【0044】得られたDNA断片を、該断片と連結可能な付着末端を有するコスミドベクターに連結する。ゲノムDNAをSau3AIを用いて部分消化した場合は、例えばsuperCos1(Stratagene社製)のBamHI部位に該部分消化物を、添付実験手順書に従い連結することができる。得られた連結産物は、モレキュラー・クローニング第2版記載の方法により調製できるパッケージング エキストラ

クトを用いてパッケージング後、大腸菌の形質転換に用いることができるが、より具体的には、市販のパッケージング エキストラクトであるGigapack III Gold Packaging Extract (Stratagene社製)等を用いて、添付実験手順書に従い、パッケージングし、大腸菌XL-1-BlueM R (Stratagene社製)株等に導入することができる。

【0045】形質転換した大腸菌は、アンピシリンを含むLB平板培地に塗布し、培養する。形質転換体は、該平板培地上に形成されるコロニーとして取得することができる。該形質転換体を、アンピシリン0.1mg/mlを含むLB培地0.05mlを添加した96穴タイタープレート中で静置培養する。培養により得られた培養物は、下記(4)の実験に用いることができる。該培養液に20%グリセロールを含むLB培地を0.05mlずつ添加、混合することにより、該培養液は-80℃で保存することが可能で、要時に用いることができる。

【0046】(4) 塩基配列の決定

(4-1) 鋳型の調製

コリネ細菌ゲノムDNAの全塩基配列は、全ゲノムショットガン法(Science, 269, 496-512 (1995))を基本として決定することができる。全ゲノムショットガン法で用いる鋳型としては、上記(2)で調製したライブラリーを用い、PCRにより調製することができる(DNA Research, 5, 1-9 (1998))。具体的には、以下の方法で鋳型を調製することができる。アンピシリン0.1mg/mlを含むLB培地をウェルあたり0.08mlずつ分注した96穴タイタープレートの各ウェルに全ゲノムショットガンライブラリー由来クローンをレプリケーター(GENETIX社製)で植菌し、37℃で終夜静置培養を行う。

【0047】該培養液を、Takara Ex Taq (宝酒造社製)を用いてPCR用反応液を0.025mlずつ分注した96穴リアクションプレート(PE Biosystems社製)に、コピープレート(トッケン社製)を用いて移し、GeneAmp PCR System 9700 (PE Biosystems社製)を用い、牧野らのプロトコール(DNA Research, 5, 1-9 (1998))に従いPCRを行い、挿入断片の増幅を行う。PCR産物精製用キット(Amersham Pharmacia Biotech社製)により余剰プライマーおよびヌクレオチドの除去を行い、これをシーケンス反応の鋳型として用いる。また、2本鎖DNAプラスミドを鋳型にして、塩基配列を決定することもできる。

【0048】鋳型として用いる2本鎖DNAプラスミドは以下の方法で取得することができる。アンピシリン0.05mg/mlを含む2×YT培地(16g/l バクトトリプトン、10g/l 酵母エキス、5g/l 塩化ナトリウム、pH7.0)を1.5mlずつ分注した24穴または96穴プレートの各ウェルに、全ゲノムショットガンライブラリー由来クローンを植菌し、37℃で終夜振とう培養を行う。該培養液より、プラスミド自動調製機KURABO PI-50(倉敷紡績社製)、マルチスクリーン(Millipore社製)等を用い、倉

敷紡績社もしくはMillipore社のプロトコールに従って、2本鎖DNAプラスミドを調製することができる。プラスミドの精製には、ベックマンコールター社のパイオメック2000等を用いることができる。得られた精製2本鎖DNAプラスミドを0.1mg/ml程度になるように水に溶解しシーケンシングの鋳型として用いることができる。

【0049】(4-2) シーケンス反応

シーケンス反応は、市販のシーケンスキット等を用いて行うことができ、具体的には以下に記載する方法を例示することができる。ABI PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (PE Biosystems社製) 溶液6μlに対し、M13順方向プライマー(M13-21)又はM13逆方向プライマー(M13REV)〔DNA Research, 5, 1-9 (1998)〕を各々1~2pmol、および上記(4-1)で調製した鋳型(PCR産物又はプラスミド)50~200ngを混ぜ10μlのシーケンス反応液を調製する。

【0050】該反応液を用い、GeneAmp PCR System 9700 (PE Biosystems社製)等を用い、35~55サイクルのダイナミーターシーケンス反応を行う。サイクルパラメーターは市販のキット、例えばABI PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit等に付属するマニュアルに従って行うことができる。サンプルの精製は、MultiScreen HV plate (Millipore社製)等の市販の製品を用い、市販の製品に付属のマニュアルに従って行うことができる。精製された反応物をエタノール沈殿、乾燥し、分析に用いる。該乾燥反応物は-30℃の暗所で保存でき、要時に用いることができる。該乾燥反応物は、市販のシーケンサーおよびアナライザーを用い、付属のマニュアルに従って分析することができる。市販のシーケンサーとしては、ABI PRISM 377 DNA Sequencer (PE Biosystems社製)等をあげることができる。アナライザーとしては、ABI PRISM 3700 DNA Analyser (PE Biosystems社製)等をあげることができる。

【0051】(5) アセンブリ

上記(4)で得られた配列情報の解析に用いるベースコールにはphred(The University of Washington)等のソフトウェアを用いることができる。ベクター配列情報を除去するには、Cross#Match(The University of Washington)、SPS Cross#Match(Southwest Parallel Software社製)等のソフトウェアを用いることができる。アセンブリにはphrap(The University of Washington)、SPS phrap(Southwest Parallel Software社製)等のソフトウェアを用いることができる。

【0052】上記解析および結果の出力作業には、UNIX、PC、マッキントッシュ等のコンピュータを用いることができる。アセンブリの結果得られるコンティグは、グラフィカルエディターconsed(The University of Washington)等を用いて解析することができる。ベースコールからアセンブリまでの一連の作業をconsedに付

属するスクリプトphredPhrapを利用して一括して行うこともできる。本発明で、ソフトウェアはコンパレータ(比較器)とも記載する。

【0053】(6) ギャップ部分の塩基配列決定

上記(3)で構築したコスミドライブラリー中の各コスミドを(4-1)に記載した2本鎖DNAプラスミド調製と同様な方法で調製する。このコスミドの挿入断片末端部の塩基配列を、ABI PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (PE Biosystems社製)等の市販のキットを用い、付属するマニュアルに従って決定する。コスミド約800クロンの挿入断片の両末端のシーケンシングを行い、その配列と一致する

(5)で得られたショットガンシーケンシング由来コンティグ中の塩基配列を検索する。該作業により各コスミドクロンと各コンティグの連鎖関係を解明し、相互整列化を行う。また、この結果を公知のフィジカルマップと対応させることにより、コスミドとコンティグのマッピングを行う。*Corynebacterium glutamicum* ATCC13032株の場合にはMol. Gen. Genet., 252, 255-265 (1996)のフィジカルマップを利用することができる。

【0054】また、コンティグではカバーされない領域(ギャップ部)の配列は、以下の方法で決定する。コンティグの末端に位置する配列を含むクロンを選抜する。これらの中から、挿入断片の片側の末端のみの配列しか決定されていないクロンを選抜し、挿入断片の逆末端の配列を決定する。2つのコンティグに、挿入断片のそれぞれの末端の配列が含まれるような全ゲノム由来ショットガンライブラリークロンまたはコスミドクロンを同定し、該クロンの挿入断片の全塩基配列を決定する。該方法により、このギャップ部分の塩基配列を決定することができる。

【0055】ギャップ部分をカバーするショットガンライブラリークロンもしくはコスミドクロンがない場合には、そのコンティグ末端の配列に相補するプライマーを作成し、PCRによってギャップ領域のDNA断片を増幅する。該増幅DNA断片を鋳型として用いたプライマーウォーキング法により、もしくは該増幅DNA断片から調製したショットガンクロンの配列を決定するショットガン法によりシーケンシングを行い、該領域の塩基配列を決定することができる。

【0056】配列精度の低い領域については、consed(The University of Washington)のAUTOFINISH機能とNAVIGATING機能を利用してプライマーを合成し、プライマーウォーキング法により配列決定を行い配列精度を高めることができる。このようにして決定される全ゲノムの塩基配列として、例えば、配列番号1に示される、*Corynebacterium glutamicum* ATCC13032株ゲノムの全塩基配列をあげることができる。

【0057】(7) 配列番号1で表される塩基配列を利用した微生物ゲノムDNAの塩基配列の決定

上記で決定された、配列番号1記載の *Corynebacterium glutamicum* ATCC13032株ゲノムの全塩基配列と80%以上の相同性を有するポリヌクレオチドの塩基配列を配列番号1で表される塩基配列を利用して決定することができ、本発明の配列番号1で表される塩基配列と80%以上の相同性を有する塩基配列を有するポリヌクレオチドも本発明のポリヌクレオチドである。本発明の配列番号1で表される塩基配列と80%以上の相同性を有する塩基配列を有するポリヌクレオチドとは、配列番号1で表される塩基配列において、連続した5〜50塩基からなるオリゴヌクレオチドをプライマーとして用いて、例えば染色体DNAを鋳型としたPCR法を利用して、その染色体DNAの全塩基配列を決定できるポリヌクレオチドである。全塩基配列を決定する上で特に好ましいプライマーとしては、互いに300〜500bp程度離れて位置する塩基配列を有するオリゴヌクレオチドであり、該オリゴヌクレオチドの中でも主要代謝経路に関わる蛋白質をコードするDNAから選ばれる塩基配列を有するオリゴヌクレオチドは特に好ましい。該オリゴヌクレオチドを用いて染色体DNAの全塩基配列を決定できるポリヌクレオチドとしては、例えばコリネ菌に属する微生物由来の染色体DNAを構成するポリヌクレオチドをあげることができ、好ましくは *Corynebacterium* 属に属する微生物由来の染色体DNAを構成するポリヌクレオチド、より好ましくは、 *Corynebacterium glutamicum* の染色体DNAを構成するポリヌクレオチドをあげることができる。

【0058】2. 全ゲノム塩基配列情報を利用したオープンリーディングフレーム〔open reading frame (転写読取枠)；以下、ORFと略記する〕および発現調節断片の同定並びにORFの機能推定

上記1.により決定された、コリネ型細菌由来のゲノムの全塩基配列情報により、ORFおよび発現調節断片を同定することが可能であり、更に、同定されたORFの機能を推定することが可能である。ORFとは、mRNAの塩基配列のうち、アミノ酸配列として翻訳され、蛋白質となりうる連続した領域であり、mRNAのORFをコードする、DNA上の領域も、ORFと呼ばれる。発現調節断片 (expression modulating fragment、以下EMFと略記する)とは、作動可能に連結されたORFまたはその他の配列の発現を調節する一連のポリヌクレオチド断片を意味する。「作動可能に連結された配列の発現を調節する」とは、EMFの存在により配列の発現が変化することを意味する。EMFとしては、プロモーター、オペレーター、エンハンサー、サイレンサー、リボソーム結合配列、転写終結配列等をあげることができる。コリネ型細菌の場合、EMFは通常、遺伝子間セグメント (2つの遺伝子の間にある断片；長さ約10から200ヌクレオチド) に存在する。即ち、長さ10ヌクレオチド以上の遺伝子間セグメントには、EMFが存在する場合が多い。EMFはまた公知のEMFの配列を標的配列、

標的構造モチーフ (または標的モチーフ) に用いて、FASTA〔Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 85, 2444-48 (1988)〕、BLAST〔J. Mol. Biol., 215, 403-410 (1990)〕等の適当なソフトウェアまたはコンパレータにより推定することが可能である。または公知のEMF捕獲ベクター (例えば、pKK232-8; Amersham Pharmacia Biotech社製) により、同定および評価が可能である。

【0059】「標的配列」とは、6個以上のヌクレオチドの塩基配列あるいは2個以上のアミノ酸配列またはそのアミノ酸配列をコードする塩基配列である。標的配列は、配列が長くなるほど、データベース中にランダムに現れる可能性は少なくなる。標的配列のもっとも好ましい長さは、約10から100個のアミノ酸、または約30から300個のヌクレオチド残基である。

【0060】「標的構造モチーフ」または「標的モチーフ」とは、任意の合理的に選択される配列または配列の組み合わせをいい、当業者に公知の手段によりポリペプチドの折り畳みに際し形成される3次元構造に基づいて選択されるもので、種々のモチーフが公知である。

【0061】ポリペプチドの標的モチーフは、例えば酵素活性部位、蛋白質-蛋白質相互作用部位やシグナル配列であるが、これらに限定されることはない。核酸の標的モチーフとしては、プロモーター配列、転写調節因子結合配列やヘアピン構造等をあげることができる。

【0062】有用性の高いEMFとしては、例えば高効率プロモーターや誘導発現プロモーターをあげることができる。これらの取得は、発現が高いことが示されている、あるいは予想される遺伝子 (例えばリボソームRNA遺伝子: GenBankアクセッション番号M16175、Z46753) や目的の誘導パターンを示す遺伝子 (例えば酢酸で誘導されるイソクエン酸リアーゼ遺伝子: 特開平5-56782) の塩基配列を、上記1.で決定した全ゲノム塩基配列とアラインメントして位置決定し、その上流部分 (通常、翻訳開始位置から200ないし500ヌクレオチド) のゲノム断片を単離する事により可能である。また、上記EMF捕獲ベクターで捕獲したプロモーターの中から高効率のものや目的の誘導パターンを示すものを選択することにより、有用性の高いEMFを取得できる。

【0063】ORFの同定は、個々のORFに共通する特徴を抽出し、それに基づく一般的モデルを構築し、対象配列とそのモデルとの適合度を測ることにより行うことができる。該同定には、GeneMark〔Nuc. Acids. Res., 22, 4756-67 (1994): GenePro社製〕、GeneMark.hmm (GenePro社製)、GeneHacker〔蛋白質核酸酵素, 42, 3001-07 (1997)〕、Glimmer〔The Institute of Genomic Research; Nuc. Acids. Res. 26, 544-548 (1998)〕等のソフトウェアを用いることができる。通常、これらソフトウェアを用いた予測には、デフォルト (初期設定) のパラメータを用いるが、必要に応じてパラメータを変更してもよい。

【0064】上記予測作業には、UNIX、PC、マッキントッシュ等のコンピューターを用いることができる。該方法により予測されるORFとして、例えば、配列番号1に示される*Corynebacterium glutamicum*ゲノム中に存在する、配列番号2～3501で示される塩基配列を有するORF等をあげることができる。該ORFには配列番号3502～7001に示されるアミノ酸配列を有するポリペプチドがコードされている。

【0065】ORFの機能推定は、同定されたORFのアミノ酸配列をGenBank database、Owl等由来の蛋白質コード領域からなるデータベースであるSwiss-Prot、PIR、GenBank-nr-aa、GenPeptのアミノ酸データベースに対して、相同性検索ソフトウェアBLAST、FASTA、Smith & Waterman等を用いた公知のホモログ配列との相同性検索することにより行うことができる。また、該相同性検索により、公知の蛋白質のアミノ酸配列との同一性および類似性も解析できる。

【0066】同一性とは、例えば、3つのアミノ酸位置が異なる10アミノ酸長の2つのポリペプチドは、70%の同一性を有するとされる。また、互いに異なる3アミノ酸の内の1つについて、アミノ酸は異なっても類似（例えばロイシンとイソロイシン）であれば、80%の類似性を有するとされる。

【0067】具体例として、第1表（第1-1表～第1-135表）に、*Corynebacterium glutamicum* ATCC13032株由来のORFの塩基配列と、最も相同性が高いと判定される配列の公知データベースにおける登録番号およびその配列の遺伝子名、その遺伝子の機能、並びに該公知のアミノ酸翻訳配列との比較における同一性および類似性を示した。

【0068】このように、本発明の方法によって、コリネ型細菌由来のゲノムの全塩基配列を決定することにより、膨大な数のコリネ型細菌由来の新規遺伝子を同定することができ、更に該遺伝子の機能の推定が可能となる。コリネ型細菌は産業上有用な微生物であるため、同定された遺伝子の多くは産業上有用である。また、推定された機能を分類することでその微生物の特徴が明らかとなり、育種上の貴重な情報を得ることができる。

【0069】更に、上記で得られた、コリネ型細菌由来のORF情報より、該微生物より対応するORFを、モレキュラー・クローニング第2版等に記載の常法により調製し、取得することができる。即ち、ORFに隣接する塩基配列を有するオリゴヌクレオチドを合成し、それをプライマーとして、コリネ型細菌から得た染色体DNAを鋳型として用い、通常のPCRクローニング技法によりORFを単離、取得することができる。このようにして取得されるORF配列として、例えば、配列番号2～3501のいずれかに示される塩基配列を有するポリヌクレオチドをあげることができる。

【0070】ORFあるいはプライマーは、上記配列情

報に基づき、ポリヌクレオチド合成機を用いても調製することができる。本発明のポリヌクレオチドとしては、上記で取得されるORFの塩基配列を含むポリヌクレオチドおよび該ポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチドをあげることができる。

【0071】本発明でいうポリヌクレオチドとは、一本鎖および二本鎖DNAならびに一本鎖RNAを含有するが、これらに限定されるものではない。上記で取得されるORFの塩基配列を含むポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチドには、該ORFの縮重変異体が含まれる。縮重変異体とは、塩基配列では本発明のORFの配列と異なっているが、遺伝コードの縮重により同一のアミノ酸配列をコードするポリヌクレオチド断片をいう。

【0072】具体的な例としては、配列番号2～3431のいずれかに示される塩基配列を有するポリヌクレオチド、該ポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチド等をあげることができる。ストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチドとは、上記で同定されたORFの塩基配列を有するポリヌクレオチドをプローブとして、コロニー・ハイブリダイゼーション法、ブラーク・ハイブリダイゼーション法あるいはサザンブロットハイブリダイゼーション法等を用いることにより得られるポリヌクレオチドを意味し、具体的には、コロニーあるいはブラーク由来のポリヌクレオチドを固定化したフィルターを用いて、0.7～1.0mol/lの塩化ナトリウム存在下、65℃でハイブリダイゼーションを行った後、0.1～2倍濃度のSSC溶液（1倍濃度のSSC溶液の組成は、150mmol/l 塩化ナトリウム、15mmol/l クエン酸ナトリウムよりなる）を用い、65℃条件下でフィルターを洗浄することにより同定できるポリヌクレオチドをあげることができる。

【0073】ハイブリダイゼーションは、モレキュラー・クローニング第2版、Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons (1987-1997)（以下、カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジーと略す）、DNA Cloning 1: Core Techniques, A Practical Approach, Second Edition, Oxford University (1995)等に記載されている方法に準じて行うことができる。ハイブリダイズ可能なポリヌクレオチドとして具体的には、FASTA、BLAST、Smith-Waterman [Meth. Enzym., 164, 765 (1988)]等の相同性検索ソフトウェアにより、デフォルト（初期設定）のパラメータを用いて計算したときに、配列番号2～3431に示される塩基配列と少なくとも60%以上の相同性を有するDNA、好ましくは80%以上の相同性を有するDNA、更に好ましくは95%以上の相同性を有するDNAをあげることができる。

【0074】また、本発明のポリヌクレオチドとして、

配列番号3502～6931のいずれかに示されるアミノ酸配列からなるポリペプチドをコードするポリヌクレオチドまたは該ポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチドをあげることができる。更に、本発明のポリヌクレオチドとして、配列番号1に示される塩基配列を有するポリヌクレオチドにおいて、配列番号2～3431から選ばれる塩基配列を有するポリヌクレオチドの5'上流または3'下流領域に位置し、該ポリヌクレオチドがコードするポリペプチドの発現を調節する活性を有するポリヌクレオチドをあげることができる。該ポリヌクレオチドがコードするポリペプチドの発現を調節する活性を有するポリヌクレオチドとして具体的には、上述したEMF即ち、プロモーター、オペレーター、エンハンサー、サイレンサー、リボソーム結合配列、転写終結配列等をコードするポリヌクレオチドをあげることができる。

【0075】上記PCRクローニング技法によりORFを取得する際に用いるプライマーとしては、該ORFおよび隣接する領域の塩基配列中の連続した10～200塩基と同じ配列を有するオリゴヌクレオチドまたは該オリゴヌクレオチドと相補的な配列を有するオリゴヌクレオチドをあげることができる。例えば、配列番号1～3431の何れかに示された塩基配列中の連続した10～200塩基と同じ配列を有するオリゴヌクレオチドまたは該オリゴヌクレオチドと相補的な配列を有するオリゴヌクレオチドをあげることができる。センスプライマーおよびアンチセンスプライマーとして用いる場合には、両者の融解温度(T_m)および塩基数が極端に変わることはない上記のオリゴヌクレオチドが好ましい。

【0076】本発明のオリゴヌクレオチドとして、配列番号1～3431の何れかに示された塩基配列中の連続した10～200塩基と同じ配列を有するオリゴヌクレオチドまたは該オリゴヌクレオチドと相補的な配列を有するオリゴヌクレオチドをあげることができる。

【0077】更に、これらオリゴヌクレオチドの誘導体(以下、オリゴヌクレオチド誘導体という)も本発明のオリゴヌクレオチドとして利用することができる。該オリゴヌクレオチド誘導体としては、オリゴヌクレオチド中のリン酸ジエステル結合がホスフォロチオエート結合に変換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のリン酸ジエステル結合がN3'-P5'ホスフォアミデート結合に変換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のリボースとリン酸ジエステル結合がペプチド核酸結合に変換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のウラシルがC-5プロピニルウラシルで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のウラシルがC-5チアゾールウラシルで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のシトシンがC-5プロピニルシトシンで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリ

ゴヌクレオチド中のシトシンがフェノキサジン修飾シトシン(phenoxazine-modified cytosine)で置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、オリゴヌクレオチド中のリボースが2'-O-アロピリリボースで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体、あるいはオリゴヌクレオチド中のリボースが2'-メトキシエトキシリボースで置換されたオリゴヌクレオチド誘導体等をあげることができる〔細胞工学, 16, 1463 (1997)〕。

【0078】本発明の上記オリゴヌクレオチドおよびオリゴヌクレオチド誘導体は、プライマー以外にも、後述のハイブリダイゼーション用プローブ、アンチセンス核酸としても有用である。アンチセンス核酸として用いる場合は、上記オリゴヌクレオチドに限らず、本発明のポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつ該ポリヌクレオチドがコードするポリペプチドの発現を調節する活性を有するポリヌクレオチドならば用いることができる。

【0079】3. アイズザイムの推定

コリネ型細菌を用いたアミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸等の有用物質の生産において、これら有用物質の生産に有用な変異株は多数取得されている。しかし、上記微生物においては遺伝子配列情報の知見が少ないため、主として、ニトロソグアニジン(NTG)等の変異剤による変異操作により有用変異株が取得されてきた。上記変異剤による変異法では、ランダムに遺伝子を変異させることができるが、中間物質の代謝に関わる類似性質を有するアイズザイムをコードする各々の遺伝子を一括して変異させることは困難である。また、変異剤による変異法では、ランダムに遺伝子を変異するため、生育遅延や発泡性上昇等の培養特性低下をもたらす有害な変異も同時に付与される可能性が高い。

【0080】しかし、遺伝子配列情報があれば、目的とするアイズザイムをコードする全遺伝子を目的に応じて全て変異させることが可能となり、目的とする遺伝子以外の有害な変異が導入されることはない。即ち、上記2.で同定されたORF情報により、コリネ型細菌中の目的とするアイズザイムの正確な数、配列情報を取得することが可能であり、該配列情報を利用し、モレキュラー・クローニング第2版等に記載の部位特異的変異導入法等により、目的のアイズザイム遺伝子全てを、目的の性質を有する遺伝子に変異させ、有用物質の生産性が向上した有用変異株を取得することができる。

【0081】4. 生合成経路、およびシグナル伝達経路の解明

生合成経路、およびシグナル伝達経路は多数の生物で解明が試みられており、多くの知見がある。しかし、コリネ型細菌においては、まだ多くの遺伝子が同定されていなかったため、不明な点が数多く存在する。

【0082】このような不明な点は下記方法により解明することができる。上記2.の方法により同定された、

コリネ型細菌由来のORFの推定機能情報を整理する。ここでいう「整理」とは、推定された機能情報に従い、各々のORFがどのような物質の生合成経路、あるいはどのようなシグナル伝達経路に属するかを、公知の情報を利用して分類することをいう。次に、公知の他生物の生合成経路あるいはシグナル伝達経路上の酵素に、該整理されたORFを対応させる。コリネ型細菌において知られている情報と組み合わせ、不明であったコリネ型細菌における生合成経路およびシグナル伝達経路を解明することができる。

【0083】不明あるいは明確でなかった経路を解明することにより、目的とする有用生産物を生産するための有用変異株を効率よく取得することが可能となる。即ち、明確となった経路が目的とする有用生産物の生合成に重要と判断される場合には、該経路を強化した変異株を取得することにより有用変異株を取得することができる。また、明確となった経路が目的とする有用生産物の生合成には重要ではないと判断される場合には、該経路の利用頻度を低下させた変異株を取得することにより有用変異株を取得することができる。

【0084】5. 有効変異点の解明

コリネ型細菌において、アミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸等の目的とする有用生産物の生産に適した有用な変異株が多数取得されているが、どのような変異点を遺伝子に付与すれば生産性を向上させることが可能かほとんど知られていない。しかし、コリネ型細菌から変異手法によって育種された生産菌株のゲノムDNAの所望の配列を、上記1.および2.の方法により決定された、コリネ型細菌由来の対応するゲノムDNAおよびORFの塩基配列と比較解析することによって、生産菌株が有する変異点を同定することができる。

【0085】更に、代謝経路や代謝調節機構、酵素の構造活性相関などに関する既知の情報に基づけば、それらの変異点の中から生産に寄与している有効変異点を容易に特定することが可能である。既知の情報により有効変異の特定が難しい場合には、同定された変異点をコリネ型細菌の野生型株または該変異を有していない生産菌に導入し、生産にプラスの効果をもたらすか否かで確かめることができる。例えば、*Corynebacterium glutamicum* のリジン生産菌B-6株〔Appl. Microbiol. Biotechnol., 32, 269-273 (1989)〕のホモセリンデヒドロゲナーゼ遺伝子homの塩基配列を、本発明の*Corynebacterium glutamicum* ATCC13032ゲノムの対応する塩基配列と比較することにより、59番目のバリンがアラニンに置換されたアミノ酸置換変異(Val159Ala)を同定することができる。更に、この変異を遺伝子置換法でATCC13032株に導入して得た菌株はリジンを生産するようになることから、該変異がリジン生産に寄与する有効変異であることが見出せる。

【0086】同様に、B-6株のビルビン酸カルボキシラ

ーゼ遺伝子pycの塩基配列を、ATCC13032ゲノムの対応する塩基配列と比較することにより、458番目のプロリンがセリンに置換されたアミノ酸置換変異(Pro458Ser)を同定することができる。更に、この変異を遺伝子置換法で、該変異を有していない*Corynebacterium glutamicum* のリジン生産菌No. 58株(FERM BP-7134)に導入して得た菌株はリジン生産性がNo. 58株に比べて向上することから、該変異がリジン生産に寄与する有効変異であることが見出せる。

【0087】その他にも、B-6株のグルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼ遺伝子zwfを同様に検索することにより、リジン生産に関わる有効変異として、グルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼ内の変異Ala213Thrを特定することができる。更に、*Corynebacterium glutamicum* ATCC13032のアスパルトキナーゼ遺伝子lysCの932番目の塩基をシトシンに置換することにより、311番目のスレオニンをイソロイシンに置換(Thr311Ile)すると、*Corynebacterium glutamicum*によるリジンの生産性を向上させることができることから、該変異がリジン生産に寄与する有効変異であることが見出せる。

【0088】同定された変異点の有効変異か否かを確かめる別の方法として、リジン生産菌の有する該変異を遺伝子置換法で野生型の配列に戻し、生産にマイナスの影響を及ぼすか否かで調べる方法もある。例えば、リジン生産菌B-6株のhomが有するアミノ酸置換変異Val159Alaを野生型に戻した菌株は、リジン生産性がB-6株に比べて低下することから、該変異はリジン生産に寄与する有効変異であることが見出せる。必要に応じて、後述のDNAアレイ解析やプロテオーム解析を組み合わせれば、有用変異点の抽出をより効率的に、かつ網羅的に行うことができる。

【0089】6. 工業的に有利な生産菌株の育種方法
アミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸等の目的とする有用生産物の発酵生産に工業的に用いられている生産菌株は、一般に、NTGなどの変異剤を用いたランダム変異と選択に基づく変異育種を重ねることによって造成されている。近年、組換えDNA技術による生産菌株の改良例も多数報告されているが、これらの育種においても、変異手法によって育種された生産菌株が親株として使用されている場合がほとんどである〔W. Leuchtenberger, Amino Acids - Technical Production and Use. I n: Roehr (ed) Biotechnology, second edition, vol. 6, products of primary metabolism. VCH Verlagsgesellschaft mbH, Weinheim, P 465 (1996)〕。変異手法は発酵工業に大きな貢献をもたらしてきたが、染色体の至る所にランダムに多数の変異が入るという重大な欠点がある。菌株改良の度に多数の変異が、同一染色体上に蓄積されていくため、変異育種された生産菌株は、野生型株に比べて、一般に生育が悪い、糖の消費が遅い、温度や酸素などのストレスに弱い等の性質を有するようにな

り、生産性が充分に上がらない、雑菌汚染の影響を受けやすい、培養管理が煩雑になる等、実製造において製造コストを高める要因となっている。また、ランダム変異であるため、生産性向上の機構は明確ではなく、次の生産性向上に向けての合理的な育種戦略を立て難い。

【0090】本発明によれば、コリネ型細菌から変異手法により育種された生産菌株の染色体上に蓄積された多数の変異点の中から、生産に寄与する有効変異点を効率よく特定することができるため、コリネ型細菌にそれらの有効変異を組み上げていくという新たな育種方法確立することができる。該方法により、有用生産菌の再構築を行うことが可能となり、野生型株からも、有用生産菌株を構築することが可能となる。

【0091】具体的には、以下の方法で有用変異株を構築することができる。変異点の一つをコリネ型細菌の野生型株に導入し、生産にプラスの効果をもたらすか否かを調べる。この評価で効果があつた場合はその変異点を残し、効果がなかった場合はその変異点をはずす。次に、効果があつた変異点のみを有する菌株を親株として、同様な操作を繰り返し行っていく。一般には生合成経路の下流に律速点が存在すると、上流の変異の有効性が明確に評価できない場合があるので、この方法を用いる場合には、変異点の評価を下流から上流に向けて順次、行っていくことが望ましい。

【0092】以上のようにして、野生型株、あるいは野生型株のように生育速度や糖の消費能力が高い菌株をベースに有効変異を再構成すれば、上述のような従来法の欠点を持たない、短時間で発酵生産が可能あるいは発酵をより高い温度で実施することのできる、工業的に有利な菌株を造成することが可能になる。

【0093】例えば、*Corynebacterium glutamicum* の野生型株 ATCC13032 から多段階にわたり変異育種されたリジン生産変異株 B-6 [Appl. Microbiol. Biotechnol., 32, 269-273 (1989)] では、リジン発酵を 30~34℃ の間で行うことができるが、34℃ を超えると生育とリジンの生産性が低下するため、発酵温度を 34℃ 以下に保つ必要がある。しかし、*Corynebacterium glutamicum* ATCC13032 を親株として用いて、上記 5. であげたリジン生産に関わる有効変異を再構成して得た生産菌株では、40~42℃ の高温でも 30~34℃ で培養した場合と同等以上の結果を得ることができ、発酵時の冷却負担を大幅に軽減することができるため、工業的に有利である。

【0094】43℃ を超える高温での培養が求められる場合は、*Corynebacterium* 属に属し、43℃ を超える高温でも生育できる微生物をベースに有効変異を再構成すれば、43℃ を超える高温での発酵生産が可能な生産菌株を得ることができる。*Corynebacterium* 属に属し、43℃ を超える高温でも生育できる微生物としては、例えば、*Corynebacterium thermoaminogenes* をあげることができる。具体的には *Corynebacterium thermoaminogenes* FERM924

4、FERM9245、FERM9246、および FERM9277 をあげることができる。

【0095】以上のようにして再構築した生産菌株を親株にして、通常の変異処理法、組換え DNA 技術による遺伝子増幅法や遺伝子置換法、形質導入法、あるいは細胞融合法を用いて、更に育種をすれば、目的生産物の生産性が一段と高まった菌株を得ることができる。従って、本発明の微生物としては、育種の過程で、2つ以上の有効変異をコリネ型細菌に集積させるという工程を経た生産菌株であれば、変異株、細胞融合株、形質転換株、形質導入株あるいは組換え DNA 技術を用いて造成した組換え株のいずれであっても特に限定されるものではない。

【0096】一方、生育や生産にとって有害であると判断された変異点が特定された場合には、現在使用している生産菌株に該変異点が存在するか否かを調べ、該変異を有している場合には野生型の遺伝子に戻すことにより、更に有用な生産菌株に育種することも可能である。以上のような育種方法は、コリネ型細菌以外の、産業上有利な性質を有する微生物（より安価な炭素源を速やかに利用できる微生物、より高温でも生育できる微生物等）にも適用することが可能である。

【0097】7. ポリヌクレオチドアレイの作製および利用

(1) ポリヌクレオチドアレイの作製

上記 1. および 2. で取得される本発明のポリヌクレオチド、オリゴヌクレオチドを用い、ポリヌクレオチドアレイを作製することができる。具体的には、配列番号 2~3501 のいずれかに示される塩基配列からなるポリヌクレオチド、該ポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチド、および/またはこれらポリヌクレオチドの有する塩基配列中の連続する少なくとも 10~200 塩基からなる配列を有するポリヌクレオチドを、1 以上固体支持体に固着したポリヌクレオチドアレイ、並びに配列番号 3502~7001 のいずれかに示されるアミノ酸配列からなるポリペプチドをコードするポリヌクレオチド、該ポリヌクレオチドとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするポリヌクレオチド、および/またはこれらポリヌクレオチドの有する塩基配列中の連続する少なくとも 10~200 塩基からなる配列を有するポリヌクレオチドを、1 以上固体支持体に固着したポリヌクレオチドアレイをあげることができる。

【0098】本発明においてポリヌクレオチドアレイとは、DNA チップ、DNA マイクロアレイ、DNA マクロアレイ等と呼ばれるものを含み、固体支持体の表面に複数のポリヌクレオチドまたは該断片を固着させたものをいう。固体支持体としては、平板ガラスやナイロン膜等を用いることができる。ポリヌクレオチドまたは該断片の固体支持体表面への固着には、アレイ作製の一般的

な手法を用いることができる。即ち、ポリリジン等のポリカチオンの付着等、化学的に表面処理した固体支持体に固着させる方法〔Nat. Genet., 21, 15-19 (1999)〕等を用いることができる。このような化学的に表面処理した固体支持体は市販されており、該市販品を本発明のポリヌクレオチドアレイの固体支持体として用いることができる。

【0099】固体支持体に固着させるポリヌクレオチドあるいはオリゴヌクレオチドとしては、上記1. および2. で取得される本発明のポリヌクレオチドおよびオリゴヌクレオチドを用いることができる。固体支持体へポリヌクレオチドあるいはオリゴヌクレオチドを高密度に固着することにより、後述の解析を効率よく実施可能であるが、必ずしも高密度である必要はない。高密度に固着するためのアレイヤーロボット等の装置は、宝酒造社(GMS417 Arrayer)等より市販されており、該市販品を用いることができる。

【0100】また、光リソグラフィ法等により本発明のオリゴヌクレオチドを固体支持体上で直接合成してもよい〔Nat. Genet., 21, 20-24 (1999)〕。該方法ではまず、光照射により除去できる保護基を持ったリンカーをスライドガラス等の固体支持体に固着させる。該固着部位の限られた部分のみ光を透過させるためのマスク(光リソグラフィマスク)を通して光を当てる。該領域に、光照射により除去できる保護基を持ったオリゴヌクレオチドを加えることにより、光の当たった部分のみ、そのヌクレオチドとの連結反応が起こる。該操作を繰り返すことにより、領域ごとに異なる、望みの配列のオリゴヌクレオチドを合成することができる。通常、合成するオリゴヌクレオチドの長さは、10~30塩基である。

【0101】(2) ポリヌクレオチドアレイの利用
上記(1)で作製されたポリヌクレオチドアレイを用い、下記(a)、(b)を行うことが可能となる。

【0102】(a) コリネ型細菌の変異株の変異点の同定およびゲノムにコードされる遺伝子の発現量ならびに発現プロファイルの解析

コリネ型細菌の変異株由来遺伝子または被検遺伝子について、下記(i)~(iv)の工程を実施することにより、該遺伝子の変異点の同定または該遺伝子の発現量ならびに発現プロファイルを解析することができる。

(i) 上記(1)の方法でポリヌクレオチドアレイを作製する工程

(ii) (i)の工程で作製されたポリヌクレオチドアレイを用い、該ポリヌクレオチドアレイ上に固定化されたポリペプチドと標識化されたコリネ型細菌の変異株由来遺伝子とをハイブリダイズ条件下でインキュベートする工程

(iii) ハイブリダイゼーションを検出する検出工程

(iv) ハイブリダイゼーション結果を解析する解析工程
コリネ型細菌の変異株由来遺伝子または被検遺伝子とし

て、例えば、アミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種の生合成に関わる遺伝子をあげることができる。

【0103】具体的な方法を下記に詳述する。ポリヌクレオチドアレイを用い、ヒトの2,300 kbにわたる領域中のSNP(一塩基多型)が同定されている〔Science, 280, 1077-82 (1998)〕。該SNPの同定方法、およびScience, 278, 680-686 (1997)、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 96, 12833-38 (1999)、Science, 284, 1520-23 (1999)等に記載の方法に準じ、上記(1)で作製されたポリヌクレオチドアレイおよびコリネ型細菌由来の核酸分子(DNA、RNA)を用い、ハイブリダイゼーション法により、アミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸等に有用である該微生物の有用変異株の変異点の同定および遺伝子発現量ならびに発現プロファイルの解析が可能である。

【0104】コリネ型細菌由来の核酸分子(DNA、RNA)の取得はモレキュラー・クローニング第2版等に記載の常法に従って行うことができる。Corynebacterium glutamicum由来のmRNAの取得に関しては、Bormanらの方法〔Molecular Microbiology, 6, 317-326 (1992)〕も用いることができる。通常、目的とするmRNAに加え、大過剰のリボソームRNA(rRNA)も取得されるが、解析の大きな支障にはならない。

【0105】取得されたコリネ型細菌由来の核酸分子を標識化する。該標識には蛍光色素を用いる方法やラジオアイソトープを用いる方法等が用いられる。具体的には、微生物より抽出したRNAにソラレン-ビオチンを紫外光でクロスリンクさせ、ハイブリダイゼーション反応後にストレプトアビジンを結合させた蛍光色素をビオチン部に結合させることにより標識化する方法〔Nat. Biotechnol., 16, 45-48 (1998)〕、微生物より抽出したRNAを鋳型、ランダムプライマーをプライマーにした逆転写反応を行い、蛍光色素、例えばCy3、Cy5を結合させたdUTP(Amersham Pharmacia Biotech社製)をcDNAに取り込ませることにより標識化する方法〔Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 96, 12833-38 (1999)〕等をあげることができる。

【0106】ランダムプライマーの代わりにORFの3'端の相補配列群をプライマーに使用することで、標識の特異性をより高めることも可能である〔J. Bacteriol., 181, 6425-40 (1999)〕。ハイブリダイゼーション法における、ハイブリダイゼーションおよびその後の洗浄操作は通常の方法で行うことができる〔Nat. Biotechnol., 14, 1675-80 (1996)等〕。該操作後、標識に使用した核酸分子のハイブリダイゼーション量に応じたハイブリダイゼーションの強度を測定することにより、変異点の同定および遺伝子の発現量を算定することができる。

【0107】ハイブリダイゼーションの強度は、蛍光シ

グナル、放射能、発光量等を、レーザー共焦点顕微鏡、CCDカメラ、放射線のイメージング装置（例えばAmersham Pharmacia Biotech社製、STORM）等により可視化後、該可視化データを定量化することにより測定することができる。固体支持体上のポリヌクレオチドアレイについての解析・定量には、GMS418 Array Scanner（宝酒造社製）等の市販の装置を用いることもできる。遺伝子発現量の解析には、市販の解析ソフトウェア（例えば宝酒造社製、ImaGene；富士フイルム社製、Array Gauge；Amersham Pharmacia Biotech社製、ImageQuant等）を使用することができる。コリネ型細菌由来の核酸分子として、培養経時に応じて取得された核酸分子を用いることにより、特定の遺伝子の発現変動を追跡することができる。該変動を把握することにより、培養条件を最適化することが可能となる。

【0108】また該微生物の全ゲノム配列から明らかにされた多数の遺伝子の配列を有する核酸分子を用いることにより、該微生物の全遺伝子レベルでの発現プロファイル、すなわちゲノムにコードされる多数の遺伝子のうちどのような遺伝子群がどのような比率で発現しているかを明らかにすることができる。このようにして全ゲノム配列から明らかにされた遺伝子の発現プロファイルを把握することにより、該微生物の生物学的な状態を全遺伝子レベルでの発現パターンとして捉えることができる。

【0109】（b）被検遺伝子に相同な遺伝子のコリネ型細菌での存在の確認

上記（1）で作製されたポリヌクレオチドアレイを用い、コリネ型細菌以外の生物に存在する被検遺伝子に相同な遺伝子がコリネ型細菌に存在するか否かを、検索することができる。該検索は、上記（a）の同定・解析方法において、コリネ型細菌由来の核酸分子のかわりに、コリネ型細菌以外の生物に存在する被検遺伝子を用いた方法により行うことができる。

【0110】8. 全ゲノム塩基配列およびORF情報を記録したコンピュータで読み取り可能な記録媒体

「コンピュータで読み取り可能な記録媒体または記憶装置」とは、コンピュータによって直接読みとられ、アクセスされる任意の記録媒体または記憶装置をいう。このような記録媒体または記憶装置としては、フロッピーディスク、ハードディスク、磁気テープ等の磁気記録媒体、CD-ROM、CD-R、CD-RW、DVD-ROM、DVD-RAM、DVD-RW等の光学記録媒体、RAMやROM等の電気記録媒体、およびこれらのカテゴリーのハイブリッド（例えばMO等の磁気／光学記録媒体）をあげることができるが、これらに限定されるものではない。

【0111】上記記録媒体に記録または入力させるための機器、あるいは記録媒体中の情報を読み取るための機器または装置の選択は、記録媒体の種類とアクセス方法

に基づく。また、種々のデータプロセッサプログラム、ソフトウェア、コンパレータおよびフォーマットが、本発明のポリヌクレオチド配列情報等を該媒体に記録し、利用させるために用いられる。該情報は、例えば、市販のソフトウェアでフォーマットされたバイナリファイル、テキストファイルあるいはASCIIファイルの形態で表しうる。これら配列情報にアクセスするためのソフトウェアも公的に入手可能である。

【0112】該媒体に記録する情報としては、上記2.で取得されたコリネ型細菌の、全ゲノム塩基配列情報、ORFの塩基配列情報、該ORFにコードされるアミノ酸配列情報、該アミノ酸配列を有するポリペプチドの有する機能情報等をあげることができる。

【0113】本発明のコンピュータで読みとり可能な記録媒体または記憶装置は、上記情報を記録した媒体である。具体的には、配列番号1〜3501に示される塩基配列情報、3502〜7001に示されるアミノ酸配列情報、配列番号1〜3501に示される塩基配列が有する機能情報、および3502〜7001に示されるアミノ酸配列が有する機能情報、第1表（第1-1表〜第1-135表）に示される情報等を記録したコンピュータで読み取り可能な記録媒体または記憶装置をあげることができる。

【0114】9. 本発明のコンピュータで読みとり可能な記録媒体を利用したコンピュータを用いたシステム

「コンピュータを用いたシステム」とは、本発明のコンピュータで読みとり可能な記録媒体に記録された情報を分析するために使用される、ハードウェア手段、ソフトウェア手段、およびデータ記録手段より構成されたものをいう。ハードウェア手段は基本的に、入力装置、データ記録装置、中央演算処理装置、出力装置からなる。

【0115】ソフトウェア手段は、記録された情報と上記ハードウェア手段を用いて、本発明の媒体に記録された情報に関する検索あるいは解析を行う手段を行う。具体的には、本発明の記録媒体に記録された塩基配列、アミノ酸配列等の情報から生物学的に意味のある構造、情報を検索、解析あるいは比較するために、コンピュータを用いたシステムで実行される一つまたはそれ以上のプログラムを使用する手段を意味する。

【0116】ORF、EMF領域の同定のためのソフトウェアとしては、GeneMark [Nuc. Acids. Res., 22, 4756-67 (1994)]、GeneHacker [蛋白質核酸酵素, 42, 3001-07 (1997)]、Glimmer [The Institute of Genomic Research; Nuc. Acids. Res., 26, 544-548 (1998)]等をあげることができる。通常、これらソフトウェアを用いた予測には、デフォルト（初期設定）のパラメータを用いるが、必要に応じてパラメータを変更してもよい。標的配列または標的構造モチーフに類似するゲノム領域またはポリペプチド領域の同定（相同性検索）のための

ソフトウェアとしては、FASTA、BLAST、Smith-Waterman、GenetyxMac (Software Development社製)、GCGパッケージ (Genetics Computer Group社製)、GenCore (CompuGen社製)等を用いることができる。通常、これらソフトウェアを用いた予測には、デフォルト (初期設定) のパラメータを用いるが、必要に応じてパラメータを変更してもよい。

【0117】このような全ゲノム配列の情報を含む記録媒体は、コリネ型細菌のゲノムDNAがコードする遺伝子の発現量ならびに該微生物の全遺伝子レベルでの発現プロファイル、すなわち該微生物のゲノムにコードされる多数の遺伝子のうちどのような遺伝子群がどのような比率で発現しているかを明らかにすることができるポリヌクレオチドアレイを作製するために有用である。

【0118】データ記録手段とは、本発明の記録媒体に記録された情報および標的配列、標的構造モチーフ情報等を記録するメモリ、およびそれにアクセスしうるメモリアクセス手段をいう。

【0119】即ち、本発明のコンピュータを用いたシステムは、(i)本発明の記録媒体に記録された情報、および標的配列または標的構造モチーフ情報を入力するための入力手段、(ii)入力された情報を少なくとも一時的に記録するためのデータ記録手段、(iii)(ii)のデータ記録手段により記録された、本発明の記録媒体に記録された情報と標的配列または標的構造モチーフ情報とを比較し、標的配列または標的構造モチーフ情報と一致または類似する塩基配列情報を検索または解析するコンパレータ手段、および(iv)(iii)のコンパレータ手段により得られた検索または解析結果を表示するための出力手段を備えたことを特徴とする、コンピュータを用いたシステムである。

【0120】該システムを、上記2.～5.の方法を用いることにより、コリネ型細菌の、ORF、EMF領域、標的配列、標的構造モチーフ等の検索・解析、ホモログの検索、アイソザイムの検索・解析、生合成経路・シグナル伝達経路の解明、有用変異点の解明、およびプロテオーム解析で見出されたスポットの同定に利用することができる。上記、ホモログには、オーソログ、パラログ両者共に含まれる。

【0121】10. コリネ型細菌由来のORFを利用したポリペプチドの製造

上記2.の方法で取得されるORFを含むポリヌクレオチドを用い、本発明のポリペプチドを製造することができる。即ち、本発明のポリペプチドは、モレキュラー・クローニング第2版やカレント・プロトコルズ・イン・モレキュラー・バイオロジー等に記載された方法等を用い、例えば以下の方法により、本発明のポリヌクレオチドまたはその断片を宿主細胞中で発現させて、製造することができる。

【0122】全長ORF配列をもとにして、必要に応じ

て、該ポリペプチドをコードする部分を含む適当な長さのDNA断片を調製する。また、必要に応じて、本発明のポリペプチドをコードする部分の塩基配列を、宿主細胞の発現に最適なコドンとなるように塩基を置換したDNAを調製する。該DNAは本発明のポリペプチドの効率的製造に有用である。これらのDNA断片を適当な発現ベクターのプロモーターの下流に挿入することにより、組換えベクターを作製する。

【0123】該組換えベクターを、該発現ベクターに適合した宿主細胞に導入する。宿主細胞としては、細菌、酵母、動物細胞、昆虫細胞、植物細胞等、目的とする遺伝子を発現できるものであればいずれも用いることができる。発現ベクターとしては、上記宿主細胞において自立複製可能なものは染色体中への組込が可能で、本発明のポリペプチドをコードするDNAを転写できる位置にプロモーターを含有しているものが用いられる。細菌等の原核生物を宿主細胞として用いる場合は、本発明のポリペプチドをコードするDNAを含有してなる組換えベクターは原核生物中で自立複製可能であると同時に、少なくともプロモーター、リボソーム結合配列、本発明のDNA、転写終結配列が作動可能な状態で構成されたベクターであることが好ましい。プロモーターを制御する遺伝子が含まれていてもよい。

【0124】発現ベクターとしては、例えば、*Corynebacterium glutamicum*で複製可能なベクタープラスミドであるpCG1 (特開昭57-134500)、pCG2 (特開昭58-35197)、pCG4 (特開昭57-183799)、pCG11 (特開昭57-134500)、pCG116、pCE54、pCB101 (いずれも特開昭58-105999)、pCE51、pCE52、pCE53 [いずれもMol. Gen. Genet., 196, 175-178 (1984)]、および*Escherichia coli*で複製可能なベクターであるpET3、pET11 (以上Stratagene社製)、pBAD、pThioHis、pTrcHis (以上、Invitrogen社製)、pKK223-3、pGEX2T (以上、Amersham Pharmacia Biotech社製)の他、pBTrp2、pBTac1、pBTac2 (いずれもBoehringer Mannheim社製より市販)、pSE280 (Invitrogen社製)、pGEMEX-1 (Promega社製)、pQE-8 (QIAGEN社製)、pKYP10 (特開昭58-110600)、pKYP200 [Agric. Biol. Chem., 48, 669 (1984)]、pLSA1 [Agric. Biol. Chem., 53, 277 (1989)]、pGEL1 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 82, 4306 (1985)]、pBluescript II SK (-) (Stratagene社製)、pTrs30 [*Escherichia coli* JM109/pTrs30 (FERM BP-5407)より調製]、pTrs32 [*Escherichia coli* JM109/pTrs32 (FERM BP-5408)より調製]、pGHA2 [*Escherichia coli* IGHA2 (FERM BP-400)より調製、特開昭60-221091]、pGKA2 [*Escherichia coli* IGKA2 (FERM BP-6798)より調製、特開昭60-221091]、pTerm2 (US4686191、US4939094、US5160735)、pSupex、pUB110、pTP5、pC194、pEG400 [J. Bacteriol., 172, 2392 (1990)]、pGEX (Pharmacia社製)、pETシステム (Novagen社製)等を用いることができる。

【0125】プロモーターとしては、宿主細胞中で機能するものであればいかなるものでもよい。例えば、t_{rp}プロモーター (P_{trp})、lacプロモーター、P_Lプロモーター、P_Rプロモーター、T7プロモーター等の、大腸菌やファージ等に由来するプロモーターをあげることができる。またP_{trp}を2つ直列させたプロモーター (P_{trp} × 2)、tacプロモーター、lacT7プロモーター、leuIプロモーターのように人為的に設計改変されたプロモーター等も用いることができる。リボソーム結合配列であるシャイン-ダルガノ (Shine-Dalgarno) 配列と開始コドンとの間を適当な距離 (例えば6~18塩基) に調節したプラスミドを用いることが好ましい。

【0126】本発明の組換えベクターにおいては、本発明のDNAの発現には転写終結配列は必ずしも必要ではないが、構造遺伝子の直下に転写終結配列を配置することが好ましい。上記構成要素のコドンは、利用される宿主細胞や環境状況に応じて、公知の方法により、最適化することが可能である。

【0127】宿主細胞としては、Escherichia属、Serratia属、Bacillus属、Brevibacterium属、Corynebacterium属、Microbacterium属、Pseudomonas属等に属する微生物、例えば、Escherichia coli XL1-Blue、Escherichia coli XL2-Blue、Escherichia coli DH1、Escherichia coli MC1000、Escherichia coli KY3276、Escherichia coli W1485、Escherichia coli JM109、Escherichia coli HB101、Escherichia coli No.49、Escherichia coli W3110、Escherichia coli NY49、Escherichia coli GI698、Escherichia coli TB1、Serratia ficaria、Serratia fonticola、Serratia liquefaciens、Serratia marcescens、Bacillus subtilis、Bacillus amyloliquefaciens、Corynebacterium ammoniagenes、Brevibacterium immariophilum ATCC14068、Brevibacterium saccharolyticum ATCC14066、Corynebacterium glutamicum ATCC13032、Corynebacterium glutamicum ATCC13869、Corynebacterium glutamicum ATCC14067 (旧属種Brevibacterium flavum)、Corynebacterium glutamicum ATCC13869 (旧属種Brevibacterium lactofermentum、あるいはCorynebacterium lactofermentum)、Corynebacterium acetacidophilum ATCC13870、Corynebacterium thermoaminogenes FERM9244、Microbacterium ammoniophilum ATCC15354、Pseudomonas putida、Pseudomonas sp. D-0110等をあげることができる。

【0128】Corynebacterium glutamicumまたはその類縁微生物を宿主とする場合、該ポリペプチドの発現に必要なEMFは、本発明のポリヌクレオチドがEMFを含む限り、ベクター側に特に備わっていなくてもよい。そのようなEMFが該ポリヌクレオチドに含まれない場合には、別にEMFを調製し、作動可能な状態にポリヌクレオチドに連結する必要がある。あるいは、より高い発

現量もしくは特異的な発現調節を期待する場合にも、それに見合ったEMFを作動可能な状態にポリヌクレオチドに連結する必要がある。例えば、Microbiology, 142, 1297-1309 (1996)に具体例が示されている。

【0129】組換えベクターの導入方法としては、上記宿主細胞へDNAを導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、カルシウムイオンを用いる方法〔Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 69, 2110 (1972)〕、プロトプラスト法 (特開昭63-248394)、またはGene, 17, 107 (1982)若しくはMol. Gen. Genet., 168, 111 (1979)に記載の方法等をあげることができる。酵母を宿主細胞として用いる場合には、発現ベクターとして、例えば、pYES2 (Invitrogen社製)、YEP13 (ATCC37115)、YEp24 (ATCC37051)、Ycp50 (ATCC37419)、pHS19、pHS15等をあげることができる。

【0130】プロモーターとしては、酵母菌株中で発現できるものであればいずれのものを用いてもよく、例えば、ヘキソースキナーゼ等の解糖系の遺伝子のプロモーター、PHO5プロモーター、PGKプロモーター、GAPプロモーター、ADHプロモーター、gal1プロモーター、gal10プロモーター、ヒートショックポリペプチドプロモーター、MFα1プロモーター、CUP1プロモーター等をあげることができる。宿主細胞としては、Saccharomyces属、Schizosaccharomyces属、Kluyveromyces属、Trichosporon属、Schwanniomyces属、Pichia属、Candida属等に属する微生物、例えば、Saccharomyces cerevisiae、Schizosaccharomyces pombe、Kluyveromyces lactis、Trichosporon pullulans、Schwanniomyces alluvius、Candida utilis等をあげることができる。

【0131】組換えベクターの導入方法としては、酵母にDNAを導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、エレクトロポレーション法〔Meth. Enzym., 194, 182 (1990)〕、スフェロプラスト法〔Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 75, 1929 (1978)〕、酢酸リチウム法〔J. Bacteriology, 153, 163 (1983)〕、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 75, 1929 (1978)に記載の方法等をあげることができる。動物細胞を宿主として用いる場合には、発現ベクターとして、例えば、pcDNA3.1、pSinRep5、pCEP4 (Invitrogen社製)、pRev-Tre (Clontech社製)、pAxCawt (宝酒造社製)、pcDNA1、pcDM8 (フナコシ社製)、pAGE107 (特開平3-22979、Cytotechnology, 3, 133 (1990))、pAS3-3 (特開平2-227075)、pcDM8〔Nature, 329, 840 (1987)〕、pcDNA1/Amp (Invitrogen社製)、pREP4 (Invitrogen社製)、pAGE103〔J. Biochem., 101, 1307 (1987)〕、pAGE210等をあげることができる。

【0132】プロモーターとしては、動物細胞中で機能するものであればいずれも用いることができ、例えば、サイトメガロウイルス (CMV) のIE (immediate early) 遺伝子のプロモーター、SV40の初期プロモ-

ター、レトロウイルスのプロモーター、メタロチオネインプロモーター、ヒートショックプロモーター、SR α プロモーター等をあげることができる。また、ヒトCMVのIE遺伝子のエンハンサーをプロモーターと共に用いてもよい。

【0133】宿主細胞としては、ヒトの細胞であるナマルバ(Namalwa)細胞、サルの細胞であるCOS細胞、チャイニーズ・ハムスターの細胞であるCHO細胞、HBT5637(特開昭63-299)等をあげることができる。動物細胞への組換えベクターの導入方法としては、動物細胞にDNAを導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、エレクトロポレーション法〔Cytotechnology, 3, 133 (1990)〕、リン酸カルシウム法(特開平2-227075)、リポフェクション法〔Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84, 7413 (1987)〕、Virology, 52, 456 (1973)等をあげることができる。

【0134】昆虫細胞を宿主として用いる場合には、例えばカレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー、Baculovirus Expression Vectors, A Laboratory Manual, W. H. Freeman and Company, New York (1992)、Bio/Technology, 6, 47 (1988)等に記載された方法によって、ポリペプチドを発現することができる。即ち、組換え遺伝子導入ベクターおよびバキュロウイルスを昆虫細胞に共導入して昆虫細胞培養上清中に組換えウイルスを得た後、更に組換えウイルスを昆虫細胞に感染させ、ポリペプチドを発現させることができる。

【0135】該方法において用いられる遺伝子導入ベクターとしては、例えば、pBlueBac4.5、pVL1392、pVL1393、pBlueBacIII(ともにInvitrogen社製)等をあげることができる。バキュロウイルスとしては、例えば、夜盗蛾科昆虫に感染するウイルスであるアウトグラフィ・カリフォルニカ・ヌクレアー・ポリヘドロシス・ウイルス(Autographa californica nuclear polyhedrosis virus)等を用いることができる。

【0136】昆虫細胞としては、*Spodoptera frugiperda*の卵巣細胞であるSf9、Sf21(Baculovirus Expression Vectors, A Laboratory Manual, W. H. Freeman and Company, New York (1992))、*Trichoplusia ni*の卵巣細胞であるHigh5(Invitrogen社製)等を用いることができる。組換えウイルスを調製するための、昆虫細胞への上記組換え遺伝子導入ベクターと上記バキュロウイルスの共導入方法としては、例えば、リン酸カルシウム法(特開平2-227075)、リポフェクション法〔Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84, 7413 (1987)〕等をあげることができる。植物細胞を宿主細胞として用いる場合には、発現ベクターとして、例えば、Tiプラスミド、タバコモザイクウイルスベクター等をあげることができる。

【0137】プロモーターとしては、植物細胞中で発現できるものであればいずれのものを用いてもよく、例え

ば、カリフラワーモザイクウイルス(CaMV)の35Sプロモーター、イネアクチン1プロモーター等をあげることができる。宿主細胞としては、タバコ、ジャガイモ、トマト、ニンジン、ダイズ、アブラナ、アルファルファ、イネ、コムギ、オオムギ等の植物細胞等をあげることができる。組換えベクターの導入方法としては、植物細胞にDNAを導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、アグロバクテリウム(*Agrobacterium*)(特開昭59-140885、特開昭60-70080、W094/00977)、エレクトロポレーション法(特開昭60-251887)、パーティクルガン(遺伝子銃)を用いる方法(日本特許第2606856、特許第2517813)等をあげることができる。

【0138】本発明の形質転換体として、上記の組換えベクターを保持する形質転換体のみならず、本発明のポリヌクレオチドを組換えベクターとしてではなく、そのもの自体として保持する形質転換体、即ち、本発明のポリヌクレオチドが、宿主の染色体に組み込まれ状態で保持された形質転換体も含まれる。酵母、動物細胞、昆虫細胞または植物細胞により発現させた場合には、糖あるいは糖鎖が付加されたポリペプチドを得ることができる。

【0139】以上のようにして得られる本発明の形質転換体を培地に培養し、培養物中に本発明のポリペプチドまたは本発明のEMFの制御下で発現される任意のポリペプチドを生成蓄積させ、該培養物から採取することにより、それらのポリペプチドを製造することができる。本発明の形質転換体を培地に培養する方法は、宿主の培養に用いられる通常の方法に従って行うことができる。本発明の形質転換体が大腸菌等の原核生物あるいは酵母等の真核生物を宿主として得られた形質転換体である場合、該形質転換体を培養する。培地として、該形質転換体が資化し得る炭素源、窒素源、無機塩類等を含む、該形質転換体の培養を効率的に行える培地であれば天然培地、合成培地のいずれを用いてもよい。

【0140】炭素源としては、該形質転換体が資化し得るものであればよく、グルコース、フラクトース、スクロース、これらを含む糖蜜、デンプンあるいはデンプン加水分解物等の炭水化物、酢酸、プロピオン酸等の有機酸、エタノール、プロパノール等のアルコール類等を用いることができる。窒素源としては、アンモニア、塩化アンモニウム、硫酸アンモニウム、酢酸アンモニウム、リン酸アンモニウム等の無機酸もしくは有機酸のアンモニウム塩、その他の含窒素化合物、ならびに、ペプトン、肉エキス、酵母エキス、コーンステープリカー、カゼイン加水分解物、大豆粕および大豆粕加水分解物、各種発酵菌体およびその消化物等を用いることができる。

【0141】無機塩としては、リン酸第一カリウム、リン酸第二カリウム、リン酸マグネシウム、硫酸マグネシウム、塩化ナトリウム、硫酸第一鉄、硫酸マンガ、硫

酸銅、炭酸カルシウム等を用いることができる。培養は、振盪培養または深部通気攪拌培養等の好気的条件下で行う。培養温度は15～40℃がよく、培養時間は、通常16時間～7日間である。培養中のpHは3.0～9.0に保持することが好ましい。pHの調整は、無機または有機の酸、アルカリ溶液、尿素、炭酸カルシウム、アンモニア等を用いて行う。また、培養中に必要に応じて、アンピシリンやテトラサイクリン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

【0142】プロモーターとして誘導性的プロモーターを用いた組換えベクターで形質転換した微生物を培養するときには、必要に応じてインデューサーを培地に添加してもよい。例えば、*lac*プロモーターを用いた組換えベクターで形質転換した微生物を培養するときにはイソプロピルーβ-D-チオガラクトピラノシド等を、*trp*プロモーターを用いた組換えベクターで形質転換した微生物を培養するときにはインドールアクリル酸等を培地に添加してもよい。

【0143】動物細胞を宿主として得られた形質転換体を培養する培地としては、一般に使用されているRPMI 1640培地〔The Journal of the American Medical Association, 199, 519 (1967)〕、イーグルのMEM培地〔Science, 122, 501 (1952)〕、ダルベッコ改変MEM培地〔Virology, 8, 396 (1959)〕、199培地〔Proceeding of the Society for the Biological Medicine, 73, 1 (1950)〕またはこれら培地に牛胎児血清等を添加した培地等を用いることができる。培養は、通常pH6～8、30～40℃、5%CO₂存在下の条件下で1～7日間行う。また、培養中に必要に応じて、カナマイシン、ペニシリン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

【0144】昆虫細胞を宿主として得られた形質転換体を培養する培地としては、一般に使用されているTNM-FH培地(Pharmingen社製)、Sf-900IISFM培地(Life Technologies社製)、ExCell400、ExCell405(いずれもJRH Biosciences社製)、Grace's Insect Medium〔Nature, 195, 788 (1962)〕等を用いることができる。培養は、通常pH6～7、25～30℃等の条件下で、1～5日間行う。また、培養中に必要に応じて、ゲンタマイシン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

【0145】植物細胞を宿主として得られた形質転換体は、細胞として、または植物の細胞や器官に分化させて培養することができる。該形質転換体を培養する培地としては、一般に使用されているムラシゲ・アンド・スコーグ(MS)培地、ホワイト(White)培地、またはこれら培地にオーキシシン、サイトカイニン等、植物ホルモンを添加した培地等を用いることができる。培養は、通常pH5～9、20～40℃の条件下で3～60日間行う。また、培養中に必要に応じて、カナマイシン、ハイグロマイシン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

【0146】上記のとおり、本発明のポリペプチドをコ

ードするDNAを組み込んだ組換え体ベクターを保有する微生物、動物細胞、あるいは植物細胞由来の形質転換体を、通常の培養方法に従って培養し、該ポリペプチドを生成蓄積させ、該培養物より該ポリペプチドを採取することにより、該ポリペプチドを製造することができる。遺伝子の発現方法としては、直接発現以外に、モレキュラー・クローニング第2版に記載されている方法等に準じて、分泌生産、融合ポリペプチド発現等を行うことができる。

【0147】本発明のポリペプチドの生産方法としては、宿主細胞内に生産させる方法、宿主細胞外に分泌させる方法、あるいは宿主細胞外膜上に生産させる方法があり、使用する宿主細胞や、生産させるポリペプチドの構造を変えることにより、該方法を選択することができる。本発明のポリペプチドが宿主細胞内あるいは宿主細胞外膜上に生産される場合、ボールソンらの方法〔J. Biol. Chem., 264, 17619 (1989)〕、ロウらの方法〔Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 86, 8227 (1989)、Genes Develop., 4, 1288 (1990)〕、および/または特開平5-336963、W094/23021等に記載の方法を準用することにより、該ポリペプチドを宿主細胞外に積極的に分泌させることができる。

【0148】即ち、遺伝子組換えの手法を用いて、本発明のポリペプチドの活性部位を含むポリペプチドの手前にシグナルペプチドを付加した形で発現させることにより、本発明のポリペプチドを宿主細胞外に積極的に分泌させることができる。また、特開平2-227075に記載されている方法に準じて、ジヒドロ葉酸還元酵素遺伝子等を用いた遺伝子増幅系を利用して生産量を上昇させることもできる。

【0149】更に、遺伝子が導入された動物個体(トランスジェニック非ヒト動物)または植物個体(トランスジェニック植物)を造成することにより、本発明のポリペプチドを製造することもできる。形質転換体が動物個体または植物個体の場合は、通常の方法に従って、飼育または栽培し、該ポリペプチドを生成蓄積させ、該動物個体または植物個体より該ポリペプチドを採取することにより、該ポリペプチドを製造することができる。動物個体を用いて本発明のポリペプチドを製造する方法としては、例えば公知の方法〔American Journal of Clinical Nutrition, 63, 639S (1996)、American Journal of Clinical Nutrition, 63, 627S (1996)、Bio/Technology, 9, 830 (1991)〕に準じて遺伝子を導入して造成した動物中に本発明のポリペプチドを生産する方法をあげることができる。

【0150】動物個体の場合は、例えば、本発明のポリペプチドをコードするDNAを導入したトランスジェニック非ヒト動物を飼育し、該ポリペプチドを該動物中に生成、蓄積させ、該動物中より該ポリペプチドを採取することにより、該ポリペプチドを製造することができ

る。該動物中の生成、蓄積場所としては、例えば、該動物のミルク（特開昭63-309192）、卵等をあげることができる。この際に用いられるプロモーターとしては、動物で発現できるものであればいずれも用いることができるが、例えば、乳腺細胞特異的なプロモーターである α カゼインプロモーター、 β カゼインプロモーター、 β ラクトグロブリンプロモーター、ホエー酸性プロテインプロモーター等が好適に用いられる。

【0151】植物個体を用いて本発明のポリペプチドを製造する方法としては、例えば本発明のポリペプチドをコードするDNAを導入したトランスジェニック植物を公知の方法〔組織培養、20（1994）、組織培養、21（1995）、Trends in Biotechnology, 15, 45（1997）〕に準じて栽培し、該ポリペプチドを該植物中に生成、蓄積させ、該植物中より該ポリペプチドを採取することにより、該ポリペプチドを生産する方法をあげることができる。

【0152】本発明のポリペプチドは*in vitro*翻訳により取得することもできる。*in vitro*翻訳系を用いて本発明のポリペプチドを生産することもできる。*in vitro*翻訳には、例えば、RNAを鋳型にする方法とDNAを鋳型にする方法の2通りがあるが、鋳型RNAとしては、全RNA、mRNA、*in vitro*転写産物などが使用でき、鋳型DNAとしては、転写プロモーターと翻訳開始点の下流に組み込まれた目的遺伝子を含むプラスミドやPCR/RT-PCR産物が使用できる。*in vitro*翻訳の最適なシステムの選択には、合成する蛋白質をコードする遺伝子の由来（原核細胞／真核細胞）、鋳型の種類（DNA／RNA）、または合成後の蛋白質の使用目的などを考慮して行なう必要がある。種々の特徴を有する*in vitro*翻訳のキットが各社（Boehringer Mannheim社、Promega社、Stratagene社等）から市販されているが、いずれのキットを用いても、本発明のポリペプチドを製造することができる。

【0153】*in vitro*転写／翻訳システムE.coli T7 S30 Extract System for Circular DNA（Promega社製；カタログ番号L1130）を用いれば、T7プロモーターを含むプラスミドにクローン化されたDNA塩基配列の転写／翻訳を実施することができる。また*in vitro*翻訳転写／翻訳システムE.coli S30 Extract System for Linear Templates（Promega社製；カタログ番号L1030）を用いれば、スーパーコイル非感受性のプロモーター、例えばlacUV5、tac、 λ PL（con）や λ PRなどの持つ直鎖上の原核生物のDNAを鋳型として転写／翻訳を実施することができる。直鎖上の原核生物のDNAを鋳型としては、DNAフラグメント、PCR増幅DNA産物、重複オリゴヌクレオチド連結体、*in vitro*転写RNA、原核生物RNAなどが使用できる。

【0154】このような系を用いることで、本発明のポリペプチドを製造できる他に、放射性標識蛋白質の合

成、クローン化遺伝子の発現能の確認、転写反応または翻訳反応の機能解析研究などを実施することも可能である。本発明の形質転換体により製造されたポリペプチドを単離精製するためには、通常酵素の単離精製法を用いることができる。例えば本発明のポリペプチドが、細胞内に溶解状態で発現した場合には、培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、水系緩衝液にけん濁後、超音波破砕機、フレンチプレス、マントンガウリンホモゲナイザー、ダイノミル等により細胞を破砕し、無細胞抽出液を得る。該無細胞抽出液を遠心分離することにより得られる上清から、通常酵素の単離精製法、即ち、溶媒抽出法、硫酸等による塩析法、脱塩法、有機溶媒による沈殿法、ジエチルアミノエチル（DEAE）-セファロース、DIAION HPA-75（三菱化学社製）等のレジンを用いた陰イオン交換クロマトグラフィー法、S-Sepharose FF（Pharmacia社製）等のレジンを用いた陽イオン交換クロマトグラフィー法、ブチルセファロース、フェニルセファロース等のレジンを用いた疎水性クロマトグラフィー法、分子篩を用いたゲルろ過法、アフィニティークロマトグラフィー法、クロマトフォーカシング法、等電点電気泳動等の電気泳動法等の手法を単独あるいは組み合わせて用い、精製標品を得ることができる。

【0155】また、該ポリペプチドが宿主細胞内に不溶体を形成して発現した場合は、同様に細胞を回収後、破砕し、遠心分離を行うことにより、沈殿画分としてポリペプチドの不溶体を回収する。回収したポリペプチドの不溶体を蛋白質変性剤で可溶化する。該可溶化液を希釈または透析し、該可溶化液中の蛋白質変性剤の濃度を下げることにより、該ポリペプチドを正常な立体構造に戻す。該操作の後、上記と同様の単離精製法により該ポリペプチドの精製標品を得ることができる。

【0156】本発明のポリペプチド、あるいは該ポリペプチドに糖鎖の付加されたポリペプチド等の誘導体が細胞外に分泌された場合には、培養上清に該ポリペプチドあるいは該ポリペプチドの誘導体を回収することができる。即ち、該培養物を上記と同様の遠心分離等の手法により処理することにより培養上清を取得し、該培養上清から、上記と同様の単離精製法を用いることにより、精製標品を得ることができる。

【0157】上記の方法で取得されるポリペプチドが本発明のポリペプチドであり、例えば、配列番号2～3431から選ばれる塩基配列を有するポリヌクレオチドにコードされるポリペプチド、または配列番号3502～6931のいずれかに示されるアミノ酸配列を有するポリペプチドをあげることができる。

【0158】さらに、該ポリペプチドの有するアミノ酸配列において1以上のアミノ酸残基が欠失、置換、挿入または付加されたアミノ酸配列からなり、かつ該ポリペプチドの活性と実質的に同一の活性を有するポリペプチド

ドも本発明に含まれる。該ポリペプチドの活性と実質的に同一の活性とは、欠失、置換、挿入または付加する前のポリペプチドが有する固有の機能あるいは酵素活性などに代表される活性と同一の活性を意味している。該ポリペプチドは、モレキュラー・クローニング第2版、カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー、Nuc. Acids. Res., 10, 6487 (1982)、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 79, 6409 (1982)、Gene, 34, 315 (1985)、Nuc. Acids. Res., 13, 4431 (1985)、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 82, 488 (1985)等に記載の部位特異的変異導入法を用いて、取得することができる。例えば、配列番号3502~6931のいずれかに示されるアミノ酸配列を有するポリペプチドをコードするDNAに部位特異的変異を導入することにより、取得することができる。欠失、置換、挿入もしくは付加されるアミノ酸残基の数は特に限定されないが、上記の部位特異的変異法等の周知の方法により欠失、置換、挿入もしくは付加できる程度の数であり、1~数十個、好ましくは1~20個、より好ましくは1~10個、更に好ましくは1~5個である。

【0159】本発明のポリペプチドの有するアミノ酸配列において1以上のアミノ酸残基が欠失、置換、挿入または付加されたとは、同一配列中の任意かつ1もしくは複数のアミノ酸配列中の位置において、1または複数のアミノ酸残基の欠失、置換、挿入または付加があることを意味し、欠失、置換、挿入または付加が同時に生じてよく、置換、挿入または付加されるアミノ酸残基は天然型と非天然型とを問わない。天然型アミノ酸残基としては、L-アラニン、L-アスパラギン、L-アスパラギン酸、L-グルタミン、L-グルタミン酸、グリシン、L-ヒスチジン、L-イソロイシン、L-ロイシン、L-リジン、L-メチオニン、L-フェニルアラニン、L-プロリン、L-セリン、L-スレオニン、L-トリプトファン、L-チロシン、L-バリン、L-システインなどがあげられる。

【0160】以下に、相互に置換可能なアミノ酸残基の例を示す。同一群に含まれるアミノ酸残基は相互に置換可能である。

A群：ロイシン、イソロイシン、ノルロイシン、バリン、ノルバリン、アラニン、2-アミノブタン酸、メチオニン、O-メチルセリン、D-β-チルグリシン、D-β-チルアラニン、シクロヘキシルアラニン

B群：アスパラギン酸、グルタミン酸、イソアスパラギン酸、イソグルタミン酸、2-アミノアジピン酸、2-アミノスベリン酸

C群：アスパラギン、グルタミン

D群：リジン、アルギニン、オルニチン、2,4-ジアミノブタン酸、2,3-ジアミノプロピオン酸

E群：プロリン、3-ヒドロキシプロリン、4-ヒドロキシプロリン

F群：セリン、スレオニン、ホモセリン

G群：フェニルアラニン、チロシン

また、得られる変異ポリペプチドが、変異前のポリペプチドの有する活性と実質的に同一の活性を有するためには、変異前のポリペプチドの有するアミノ酸配列と、BLASTやFASTA等の解析ソフトウェアで、デフォルト（初期設定）のパラメータを用いて計算した時に、少なくとも60%以上、通常は80%以上、特に95%以上の相同性を有していることが好ましい。

【0161】また、本発明のポリペプチドは、Fmoc法（フルオレニルメチルオキシカルボニル法）、tBoc法（tert-ブチルオキシカルボニル法）等の化学合成法によっても製造することができる。また、Advanced ChemTech社製、Perkin elmer社製、Pharmacia社製、Protein Technology Instrument社製、Synthecell-Vega社製、PerSeptive社製、島津製作所等のペプチド合成機を利用して化学合成することもできる。

【0162】本発明の形質転換体は、本発明のポリペプチド生産以外の目的にも使用することができる。具体的には、本発明のポリヌクレオチドまたは組換えベクターを含む形質転換体を培地に培養し、培養物中にアミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種を生成蓄積させ、該培養物からアミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体から選ばれる少なくとも一種を採取、製造することが可能である。また、アミノ酸、核酸、ビタミン、糖、有機酸、およびそれらの類縁体等の生理活性物質の生合成経路、分解経路およびその調節機構は生物種により異なる。その相違を利用して、異種由来のそれらの生合成関連遺伝子を導入することで、それら生理活性物質の生産性を高めることが可能である。例えば、植物種子における必須アミノ酸の一つリジンの含有量は、細菌由来の生合成酵素遺伝子の導入により増大することが報告されている（W093/19190）。また、大腸菌由来のアルギニン生合成遺伝子をCorynebacterium glutamicumに導入すると、アルギニンの過剰生産が起こることが報告されている（特公平5-23750）。

【0163】それらの生理活性物質の生産のための本発明の形質転換体の培養は、上記本発明のポリペプチド生産のための形質転換体の培養方法と同じ方法で行うことができる。培養物からの該生理活性物質の採取も、イオン交換樹脂法、沈殿法、その他公知の方法の組み合わせで行うことができる。

【0164】公知の方法とは、例えば宿主生物がバクテリアの場合、エレクトロポレーション、カルシウムトランスフェクション、プロトプラスト法、ウィルスを経る方法等であり、真核生物の場合はマイクロインジェクション、リン酸カルシウムトランスフェクション、陽性荷電脂質伸介法やウィルスを用いる方法等をあげることができる（モレキュラー・クローニング第2版、および、Spectorら、Cells/ laboratory manual, Cold Spring

Harbor Laboratory Press, 1998)]。宿主生物とは、原核生物、下等真核生物（たとえば酵母）、または高等真核生物（例えばほ乳類動物）、であり、それら生物から単離された細胞を含む。組換えポリヌクレオチド断片の宿主細胞内での存在形態としては、宿主染色体にインテグレートされてもよいし、染色体外で独立の複製単位を有する因子（例えばプラスミド）に組み込まれた形でもよい。これらの形質転換体は、本発明の *Corynebacterium glutamicum* のゲノムの ORF によりコードされるポリペプチドの他、本発明のポリヌクレオチドおよびその断片を生産するために用いることができる。あるいは、本発明の EMF の制御下で任意のポリペプチドを生産するため等に用いることができる。

【0165】11. 本発明のポリペプチドを認識する抗体の調製

本発明のポリペプチドまたは該ポリペプチドの部分断片ポリペプチドの精製標品、あるいは本発明のポリペプチドの一部のアミノ酸配列を有するペプチドを抗原として用いることにより、ポリクローナル抗体、モノクローナル抗体等、本発明のポリペプチドを認識する抗体を作製することができる。

【0166】(1) ポリクローナル抗体の作製

本発明のポリペプチドまたは該ポリペプチドの部分断片ポリペプチドの精製標品、あるいは本発明のポリペプチドの一部のアミノ酸配列を有するペプチドを抗原として用い、動物に投与することによりポリクローナル抗体を作製することができる。投与する動物として、ウサギ、ヤギ、ラット、マウス、ハムスター、ニワトリ等を用いることができる。該抗原の投与量は動物 1 匹当たり 50~100 μ g が好ましい。ペプチドを用いる場合は、ペプチドをスカシガイヘモシアニン (keyhole limpet haemocyanin) や牛チログロブリンなどのキャリア蛋白に共有結合させたものを抗原とするのが望ましい。抗原とするペプチドは、ペプチド合成機で合成することができる。

【0167】該抗原の投与は、例えば、1 回目の投与の後 1~2 週間おきに 3~10 回行う。各投与後、3~7 日目に眼底静脈叢より採血し、該血清が免疫に用いた抗原と反応することを酵素免疫測定法〔酵素免疫測定法 (ELISA 法) : 医学書院刊 (1976 年)、Antibodies-A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory (1988)〕等で確認する。免疫に用いた抗原に対し、その血清が十分な抗体価を示した免疫された非ヒト哺乳動物より血清を取得し、該血清を分離、精製することによりポリクローナル抗体を取得することができる。

【0168】分離、精製する方法としては、遠心分離、40~50% 飽和硫酸アンモニウムによる塩析、カプリル酸沈殿 [Antibodies, A Laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory, (1988)]、または DEAE-セファロースカラム、陰イオン交換カラム、プロテイン A または G-カラムあるいはゲル濾過カラム等を用いるクロ

マトグラフィー等を、単独または組み合わせて処理する方法があげられる。

【0169】(2) モノクローナル抗体の作製

(a) 抗体産生細胞の調製

免疫に用いた本発明のポリペプチドの部分断片ポリペプチドに対し、その血清が十分な抗体価を示したラットを抗体産生細胞の供給源として供する。該抗体価を示したラットに抗原物質を最終投与した後 3~7 日目に、脾臓を摘出する。該脾臓を MEM 培地 (日本製薬社製) 中で細断し、ピンセットでほぐし、1,200rpm で 5 分間遠心分離した後、上清を捨てる。得られた沈殿画分の脾細胞をトリス-塩化アンモニウム緩衝液 (pH 7.65) で 1~2 分間処理し赤血球を除去した後、MEM 培地で 3 回洗浄し、得られた脾細胞を抗体産生細胞として用いる。

【0170】(b) 骨髄腫細胞の調製

骨髄腫細胞としては、マウスまたはラットから取得した株化細胞を使用する。例えば、8-アザグアニン耐性マウス (BALB/c 由来) 骨髄腫細胞株 P3-X63Ag8-U1 (以下、P3-U1 と略す) [Curr. Topics. Microbiol. Immunol., 8, 1 (1978)、Europ. J. Immunol., 6, 511 (1976)]、SP2/0-Ag14 (SP-2) [Nature, 276, 269 (1978)]、P3-X63-Ag8653 (653) [J. Immunol., 123, 1548 (1979)]、P3-X63-Ag8 (X63) [Nature, 256, 495 (1975)] 等を用いることができる。これらの細胞株は、8-アザグアニン培地 [1.5mmol/l グルタミン、 5×10^{-5} mol/l 2-メルカプトエタノール、10 μ g/ml ジェンタマイシンおよび 10% 牛胎児血清 (FCS: CSL 社製) となるよう RPMI-1640 培地に添加した培地 (以下、正常培地という) に、更に 8-アザグアニンを 15 μ g/ml 加えた培地] で継代するが、細胞融合の 3~4 日前に正常培地で培養し、融合には該細胞を 2×10^7 個以上用いる。

【0171】(c) ハイブリドーマの作製

(a) で取得した抗体産生細胞と (b) で取得した骨髄腫細胞を MEM 培地または PBS (1.83g リン酸二ナトリウム、0.21g リン酸一カリウム、7.65g 食塩、蒸留水 1 リットル、pH 7.2) でよく洗浄し、細胞数が、抗体産生細胞: 骨髄腫細胞 = 5~10:1 になるよう混合し、1,200rpm で 5 分間遠心分離した後、上清を捨てる。得られた沈殿画分の細胞群をよくほぐし、該細胞群に、攪拌しながら、37°C で、 10^6 抗体産生細胞あたり、ポリエチレングライコール-1000 (PEG-1000) 2g、MEM 2ml およびジメチルスルホキシド (DMSO) 0.7ml を混合した溶液を 0.2~1ml 添加し、更に 1~2 分間毎に MEM 培地 1~2ml を数回添加する。添加後、MEM 培地を加えて全量が 50ml になるように調製する。該調製液を 900rpm で 5 分間遠心分離後、上清を捨てる。得られた沈殿画分の細胞を、ゆるやかにほぐした後、メスピペットによる吸込み、吹出しでゆるやかに HAT 培地 [10^{-4} mol/l ヒポキサンチン、 1.5×10^{-5} mol/l チミジンおよび 4×10^{-7} mol/l アミノプテリンとなるように正常培地に添加した培地] 100ml 中に懸濁す

る。

【0172】該懸濁液を96穴培養用プレートに100 μ l/穴ずつ分注し、5% CO₂インキュベーター中、37℃で7～14日間培養する。培養後、培養上清の一部をとりアンチボディーズ〔Antibodies, A Laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory, Chapter 14 (1988)〕等に述べられている酵素免疫測定法により、本発明のポリペプチドの部分断片ポリペプチドに特異的に反応するハイブリドーマを選択する。酵素免疫測定法の具体例として、以下の方法をあげることができる。

【0173】免疫の際、抗原に用いた本発明のポリペプチドの部分断片ポリペプチドを適当なプレートにコートし、ハイブリドーマ培養上清もしくは後述の(d)で得られる精製抗体を第一抗体として反応させ、更に第二抗体としてビオチン、酵素、化学発光物質あるいは放射線化合物等で標識した抗ラットまたは抗マウスIgGグロブリン抗体を反応させた後に標識物質に応じた反応を行い、本発明のポリペプチドに特異的に反応するものを本発明のモノクローナル抗体を生産するハイブリドーマとして選択する。

【0174】該ハイブリドーマを用いて、限界希釈法によりクローニングを2回繰り返す〔1回目は、HT培地（HAT培地からアミノプテリンを除いた培地）、2回目は、正常培地を使用する〕、安定して強い抗体価の認められたものを本発明のモノクローナル抗体を生産するハイブリドーマ株として選択する。

【0175】(d)モノクローナル抗体の調製
プリスタン処理〔2,6,10,14-テトラメチルペンタデカン（Pristane）0.5mlを腹腔内投与し、2週間飼育する〕した8～10週令のマウスまたはヌードマウスに、(c)で取得した本発明のポリペプチドモノクローナル抗体産生ハイブリドーマ細胞5～20 $\times 10^6$ 細胞/匹を腹腔内に注射する。10～21日間でハイブリドーマは腹水癌化する。該腹水癌化したマウスから腹水を採取し、3,000rpmで5分間遠心分離して固形分を除去する。得られた上清より、ポリクローナルで用いた方法と同様の方法でモノクローナル抗体を精製、取得することができる。抗体のサブクラスの決定は、マウスモノクローナル抗体タイピングキットまたはラットモノクローナル抗体タイピングキットを用いて行う。ポリペプチド量は、ローリー法あるいは280nmでの吸光度より算出する。上記で取得される抗体は本発明の抗体である。

【0176】該抗体は、抗体を用いた通常のアッセイ、即ち、ラジオイムノアッセイ（RIA）、競合的結合アッセイ、免疫組織化学染色法（ABC法、CSA法など）、免役沈降法、ウェスタンブロット分析、ELISAアッセイ等を用いることができる〔An Introduction to Radioimmunoassay and Related Techniques, エルセビア・サイエンス出版社（1986）、Techniques in Immunocytochemistry, アカデミック・プレス第1巻（1982）、第2巻（1983）, 第3巻（1985）、Practice and Theory of Enzyme Immunoassays, エルセビア・サイエンス出版社（1985）、酵素免疫測定法（ELISA法）：医学書院刊（1976年）、Antibodies-A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory（1988）、単クローン抗体実験マニュアル（講談社サイエンティフィック）（1987）、続生化学実験講座5, 免役生化学研究法（東京化学同人）（1986）〕。

【0177】本発明の抗体はそのまま、あるいは標識して用いることができる。標識としては、ラジオアイソトープ、アフィニティー標識（ビオチン、アビジンなど）、酵素標識（西洋ワサビペルオキシダーゼ、アルカリホスファターゼなど）、蛍光標識（FITCまたはローダミンなど）、常磁性原子を用いた標識をあげることができる〔J. Histochem. Cytochem., 18, 315 (1970), Meth. Enzym., 62, 308 (1979), Immunol., 109, 129 (1972), J. Immunol. Meth., 13, 215 (1979)〕。

【0178】標記アッセイ法、後述のポリペプチドアレイあるいはプロテオーム解析法により、該抗体あるいは該標識抗体を用い、コリネ細菌における本発明のポリペプチドの発現、該発現の変動、該ポリペプチドの構造変化の有無、コリネ細菌以外の生物における本発明のポリペプチドに相応するポリペプチドの存在の有無を解析することができる。また、本発明の抗体を用いたイムノアフィニティクロマトグラフにより、該抗体の認識するポリペプチドを精製することができる。

【0179】12. ポリペプチドアレイの作製および利用
(1) ポリペプチドアレイの作製
上記10. で取得される本発明のポリペプチド、または上記11. で取得される本発明の抗体を用いて、ポリペプチドアレイを作製することができる。本発明のポリペプチドアレイとは、プロテインチップと呼ばれるものを含み、本発明のポリペプチドまたは抗体を固体支持体の表面に複数固着させたものをいう。

【0180】固体支持体としては、ポリカーボネートのようなプラスチック、ポリアクリルアミドのようなアクリル樹脂、アガロースおよびセファロースのような複合炭水化物、シリカもしくはシリカベースの材料、カーボン、金属、無機ガラス、ラテックスビーズ等を用いることができる。本発明のポリペプチド、または抗体を、Biotechniques, 27, 1258-61 (1999)、Molecular medicine Today, 5, 326-7 (1999)、Handbook of Experimental Immunology 4th edition Blackwell Scientific Publications chapter10 (1986)、Meth. Enzym., 34, (1974)、Advances in Experimental Medicine and Biology, 42 (1974)、US4,681,870、US4,282,287、US4,762,881、等に記載の方法に準じて、固体支持体表面へ固着することができる。固体支持体へ本発明のポリペプチド、または抗体を高密度に固着することにより、後述の解析を効率よく実施することが可能であるが、必ずしも高密度で

ある必要はない。

【0181】(2) ポリペプチドアレイの利用

上記(1)で作製された本発明のポリペプチドを固着したポリペプチドアレイを用いると、アレイに固着された本発明のポリペプチドと結合し、相互作用するポリペプチドまたは化合物を同定することができる。即ち、本発明のポリペプチドについて、下記(i)～(iv)の工程を実施することにより、該ポリペプチドと結合し、相互作用するポリペプチドまたは化合物を探索することができる。

【0182】(i) 上記(1)の方法で本発明のポリペプチドが固着したポリペプチドアレイを作製する工程
(ii) 該ポリペプチドアレイ上に固定化された本発明のポリペプチドと、任意の第2ポリペプチドまたは化合物の少なくとも一つとをインキュベートする工程
(iii) アレイ上に固定化されたポリペプチドと第2ポリペプチドまたは化合物の少なくとも一つとで形成された結合体を、例えば、第2ポリペプチドまたは化合物の少なくとも一つと結合した標識、あるいは該結合体とまたは不結合物質が除去された後の該結合体の成分と特異的に結合する標識を用いて検出する検出工程

(iv) 該検出結果を解析する解析工程

【0183】本発明のポリペプチドが固着したポリペプチドアレイとして、具体的には、配列番号3502～7001から選ばれるアミノ酸配列を有するポリペプチド、該ポリペプチドのアミノ酸配列において1以上のアミノ酸残基が欠失、置換、挿入若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ該ポリペプチドの活性と実質的に同一の活性を有するポリペプチド、該ポリペプチドのアミノ酸配列と60%以上の相同性を有するアミノ酸配列を含み、かつ該ポリペプチドの活性と実質的に同一の活性を有するポリペプチド、該ポリペプチドの部分断片ポリペプチド、および/または該ポリペプチドの一部のアミノ酸配列を有するペプチドを、1以上固体支持体に固着したポリペプチドアレイをあげることができる。

【0184】また、上記(1)で作製された本発明の抗体を固着したポリペプチドアレイを用いると、コリネ型細菌のポリペプチドの発現量の解析を行うことが可能となる。即ち、コリネ型細菌の変異株由来遺伝子について、下記(i)～(iv)の工程を実施することにより、該遺伝子の発現量を解析することができる。

(i) 上記(1)の方法でポリペプチドアレイを作製する工程

(ii) 該ポリペプチド(第1抗体)アレイとコリネ型細菌由来のポリペプチドとをインキュベートする工程

(iii) アレイ上に固定化された抗体と結合したポリペプチドを、標識した本発明の第2抗体を用いて検出する検出工程

(iv) 該検出結果を解析する解析工程

【0185】本発明の抗体が固着したポリペプチドアレイ

として、具体的には、配列番号3502～7001から選ばれるアミノ酸配列を有するポリペプチド、該ポリペプチドのアミノ酸配列において1以上のアミノ酸残基が欠失、置換、挿入若しくは付加されたアミノ酸配列からなり、かつ該ポリペプチドの活性と実質的に同一の活性を有するポリペプチド、該ポリペプチドのアミノ酸配列と60%以上の相同性を有するアミノ酸配列を含み、かつ該ポリペプチドの活性と実質的に同一の活性を有するポリペプチド、該ポリペプチドの部分断片ポリペプチド、および/または該ポリペプチドの一部のアミノ酸配列を有するペプチドを認識する抗体を、1以上固体支持体に固着したポリペプチドアレイをあげることができる。

【0186】また、コリネ型細菌由来のポリペプチドとして、培養経時に応じて取得されたポリペプチドを用いることにより、特定のポリペプチドの発現変動を追跡することができる。該変動を把握することにより、培養条件を最適化することが可能となる。コリネ型細菌の変異株由来のポリペプチドを用いた場合には、変異ポリペプチドを検出することができる。

【0187】13. プロテオーム解析による変異株における有用変異の同定

通常、プロテオームはポリペプチドを2次元電気泳動で分離し、分離されたポリペプチドを酵素消化後、質量分析計(MS)とデータベース検索を用いて、該ポリペプチドを同定する方法を指す。2次元電気泳動とは、原理の異なる2種類の電気泳動を組み合わせて行う電気泳動法のことである。例えば、1次元泳動をポリペプチドの分子量で分離し、次いでゲルを90度または、180度回転させ、等電点で2次元泳動し、分離することによりさまざまな分離パターンを実現させることができる(JIS K 3600 2474)。

【0188】データベース検索には、上記2. および8. で作製された本発明のポリペプチドのアミノ酸配列情報、および本発明の記録媒体を利用することができる。コリネ型細菌および該微生物の変異株をそれぞれプロテオーム解析することにより、両者間で変動の認められたポリペプチドを同定することが可能である。コリネ型細菌の野生型株と目的産物の生産性が向上した生産菌株をそれぞれプロテオーム解析することにより、目的産物の生産能力の向上を目的とした育種に有用な変異蛋白質や発現量が変動した蛋白質を効率良く同定できる。具体的には、*Corynebacterium glutamicum*においては、野生型株とリジン工程菌株をそれぞれプロテオーム解析することにより、野生型株に比べてリジン工程菌株で増大するスポットを見出し、データベース検索することにより、リジンの生産性の向上に応じて、生産量が増大するポリペプチドを同定することができる。例えば、野生型株とリジン工程菌株のプロテオーム解析により、配列番号3785で示されるアミノ酸配列を有するカタラーゼの生産量が、リジン生産菌変異株において増加していること

を見出すことができる。

【0189】また、本発明のコリネゲノムの塩基配列情報、アミノ酸配列情報および該配列が記録された記録媒体を用い、発現レベルの高い蛋白質をプロテオーム解析により同定することにより、該蛋白質をコードする遺伝子の塩基配列とその上流域の塩基配列も同時に検索することが可能となり、高発現プロモーターとしての機能を有する塩基配列を効率的に選択することができる。また、プロテオーム解析においては、変動するスポットが修飾を受けた蛋白質に由来することがあるが、本発明のコリネゲノムの塩基配列情報、アミノ酸配列情報および該配列が記録された記録媒体を用いた検索により、修飾を受けた蛋白質を効率良く同定することができる。

【0190】更に、同定された該蛋白質に関わる塩基配列（プロモーター、ORF等の塩基配列）を本発明のコリネゲノムの塩基配列情報、アミノ酸配列情報および該配列が記録された記録媒体を用いて検索し、見出された塩基配列を基に設計したプライマーを使用することにより、容易に有用変異株の有する有用変異点を特定することができる。該変異点が特定されることにより、容易に該有用変異あるいは該有用変異から導かれる有用変異を有する、産業上有用な変異株を育種することができる。以下に本発明の実施例を示すが、本発明の内容がこれらに限定されるものではない。

【0191】

【実施例】実施例1 *Corynebacterium glutamicum* のゲノムの全塩基配列の決定

Corynebacterium glutamicum のゲノムの全塩基配列の決定は全ゲノムショットガン法〔Science, 269, 496-512 (1995)〕を基本とした。この方法では、ゲノムライブラリーを作成し、その末端配列をランダムに決定し、その配列をコンピューター上で連結し、全ゲノムを覆っていた。具体的には以下に行った。

【0192】(1) *Corynebacterium glutamicum* ATCC13032株のゲノムDNAの調製

Corynebacterium glutamicum ATCC13032株を1%グリシンを含むBY培地（7g/l肉エキス、10g/lペプトン、3g/l塩化ナトリウム、5g/l酵母エキス、pH7.2）50mlで30℃にて終夜培養し、遠心分離により菌体を回収した。STEバッファー（10.3%スクロース、25mmol/l Tris塩酸塩、25mmol/l EDTA、pH8.0）で菌体を洗浄した後、10mg/mlのリゾチームを含むSTEバッファー10mlに懸濁し、37℃で1時間緩やかに振とうした。10% SDSを2ml添加して溶菌させ、65℃で10分間保持したのち、常温まで冷却した。10mlのTris中和フェノールを加え、室温で30分間緩やかに振とうした後、遠心分離（15,000×g、20分間、20℃）を行った。水層を分取し、同様の操作でフェノール/クロロホルム抽出、クロロホルム抽出（2回）を行った後、水層に1/10量の3mol/l酢酸ナトリウム溶液（pH5.2）、2倍量のイソプロパノールを加え、緩やか

に混和し、ゲノムDNAを沈殿させた。再びゲノムDNAを0.02mg/mlのRNaseを含むTEバッファー（10mmol/l Tris塩酸塩、1mmol/l EDTA、pH8.0）3mlに溶解し、37℃にて45分間保持した後、上記と同様にフェノール抽出、フェノール/クロロホルム抽出、クロロホルム抽出を行った。イソプロパノール沈殿を行い、生じたゲノムDNA沈殿を70%エタノールで3回洗浄した後、風乾し、1.25mlのTEバッファーに溶解して、ゲノムDNA溶液（濃度0.1mg/ml）を得た。

【0193】(2) ショットガンライブラリーの作製
調製した*Corynebacterium glutamicum* ATCC13032株ゲノムDNA 0.01mgを、全量0.4mlになるようにTEバッファーを加え、ソニケーター（yamato powersonic model 50）で、出力20で連続5秒間処理し、1~10 kbの断片に断片した。DNAブランディングキット（DNA Blunting kit、宝酒造社製）を用いて、ゲノム断片の末端を平滑化したのち、6%ポリアクリルアミドゲル電気泳動により分画した。1~2 kbのゲノム断片をゲルから切り出し、0.3mlのMG溶出バッファー（0.5mol/l 酢酸アンモニウム、10mmol/l 酢酸マグネシウム、1mmol/l EDTA、0.1% SDS）を加え、37℃で終夜振とうしてDNAを溶出した。DNA溶出液をフェノール/クロロホルム処理後、エタノール沈殿しゲノムライブラリーインサートを得た。T4リガーゼ（宝酒造社製）を用いて、インサート全量とpUC18 *Sma*I/BAP（Amersham Pharmacia Biotech社製）500ngとを16℃で、40時間ライゲーションした。

【0194】ライゲーション反応物をエタノール沈殿し、0.01mlのTEバッファーに溶解した。大腸菌ELECTRO MAX DH10B（Life Technologies社製）0.04mlに対して0.001mlのライゲーション溶液を、添付実験書に示された条件で、エレクトロポレーションにより導入した。これを0.1mg/ml アンピシリン、0.1mg/ml X-gal、1mmol/l イソプロピル-β-D-チオガラクトピラノシド（IPTG）を含むLB平板培地（寒天を1.6%含むLB培地（10g/lバクトトリプトン、5g/l酵母エキス、10g/l塩化ナトリウム、pH7.0））に塗布し、37℃終夜培養した。

【0195】該平板培地上に形成されたコロニーより得られた形質転換体を、0.1mg/ml アンピシリンを含むLB培地0.05mlを添加した96穴タイタープレート中で、37℃終夜静置培養した後、20%グリセロールを含むLB培地を0.05ml加え、攪拌してグリセロールストックとして用いた。

【0196】(3) コスミドライブラリーの作成
Corynebacterium glutamicum ATCC13032株ゲノムDNA 約0.1mgをSau3AI（宝酒造社製）で部分消化し、10%および40%スクロースバッファー（1mol/l NaCl、20mmol/l Tris塩酸塩、5mmol/l EDTA、10%又は40%スクロース、pH8.0）を用いて作製した10~40%ショ糖密度勾配を用いて、超遠心分離（26,000rpm、18時間、20℃）を行った。遠心分離後1mlずつチューブに分取し、アガロ

ースゲル電気泳動で各画分のDNA断片長を確認した後、40kbのDNA断片を多く含む画分をエタノール沈殿した。

【0197】このDNA断片をsuperCos1(Stratagene社製)のBamHI部位に、添付実験手順書に従い連結した。連結産物はGigapack III Gold Packaging Extract (Stratagene社製)を用いて、添付実験手順書に従い、大腸菌XL1-BlueMR (Stratagene社製)株に導入した。これをアンピシリン0.1mg/mlを含むLB平板培地に塗布し、37℃で終夜培養し、コロニーを単離した。得られたコロニーは、96穴タイタープレートでアンピシリン0.1mg/mlを含むLB培地各ウェル0.05mlで37℃終夜静置培養した後、20%グリセロールを含むLB培地を0.05ml加え、攪拌してグリセロールストックとした。

【0198】(4)塩基配列の決定

(4-1)鋳型の調製

Corynebacterium glutamicum ATCC13032株ゲノムの全塩基配列を全ゲノムショットガン法を基本にして決定した。該方法で用いた鋳型は上記(2)で調製したライブラリーよりPCR法を用いて調製した。具体的には、アンピシリン0.1mg/mlを含むLB培地をウェルあたり0.08mlずつ分注した96穴タイタープレートに全ゲノムショットガンライブラリー由来クローンをレプリケーター(GENETIX社製)で植菌し、37℃で終夜静置培養を行った。該培養液を、PCR用反応液[TaKaRa Ex Taq (宝酒造社製)]を0.025mlずつ分注した96穴リアクションプレート(PE Biosystems社製)に、コピープレート(トッケン社製)を用いて移し、GeneAmp PCR System 9700 (PE Biosystems社製)を用い、牧野らのプロトコル[DNA Research, 5, 1-9 (1998)]に従いPCRを行い、挿入断片の増幅を行った。

【0199】PCR産物精製用キット(Amersham Pharmacia Biotech社製)により余剰プライマーおよびヌクレオチドの除去を行い、これをシーケンス反応の鋳型として用いた。一部の塩基配列決定は2本鎖DNAプラスミドを鋳型にして行った。鋳型として用いる2本鎖DNAプラスミドは以下の方法で取得した。アンピシリン0.05mg/mlを含む2×YT培地(16g/lバクトトリプトン、10g/l酵母エキス、5g/l塩化ナトリウム、pH7.0)を1.5mlずつ分注した24穴または96穴プレートの各ウェルに、全ゲノムショットガンライブラリー由来クローンを植菌し、37℃で終夜振とう培養を行った。

【0200】該培養液より、プラスミド自動調製機KURABO PI-50(倉敷紡績社製)またはマルチスクリーン(Millipore社製)を用い、倉敷紡績社もしくはMillipore社のプロトコルに従って、2本鎖DNAプラスミドを調製した。マルチスクリーンを用いた2本鎖DNAプラスミドの精製には、ベックマンコールター社のバイオメック2000等を用いた。得られた2本鎖DNAプラスミドを0.1mg/ml程度になるように水に溶解し、シーケンシング用

の鋳型として用いた。

【0201】(4-2)シーケンス反応

ABI PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (PE Biosystems社製)溶液6μlに対し、M13順方向(M13-21)プライマー又はM13逆方向(M13REV)プライマー[DNA Research, 5, 1-9 (1998)]、および上記(4-1)で調製した鋳型(PCR産物又はプラスミド)を混ぜ10μlのシーケンス反応液とした。プライマーおよび鋳型の量は各々1.6pmoleおよび50~200ngである。該反応液を用い、GeneAmp PCR System 9700 (PE Biosystems社製)で45サイクルのダイナーミネーターシーケンス反応を行った。サイクルパラメーターはABI PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kitに付属するマニュアルに従った。サンプルの精製はMultiScreen HV plate (Millipore社製)を用い、Millipore社のマニュアルに従って行った。精製された反応物はエタノール沈殿、乾燥の後、-30℃の暗所で保存した。

【0202】ABI PRISM 377 DNA Sequencer およびABI PRISM 3700 DNA Analyser (いずれもPE Biosystems社製)を用い、付属のマニュアルに従い、該乾燥反応物を分析した。377 DNA Sequencerで得られた約42,000配列と3700 DNA Analyserで得られた約8,000反応の合計約50,000配列のデータは、サーバー(アルファサーバー4100; COMPAQ社製)へ転送し保存した。約50,000配列分のデータは、ゲノムサイズの約6倍に相当した。

【0203】(5)アセンブリ

全ての作業はUNIXプラットフォームに基づき行い、解析結果の出力はXウィンドウシステムを用いマッキントッシュプラットフォームで行った。ベースコールをphred(The University of Washington)で、ベクター配列の除去をSPS Cross_Match(Southwest Parallel Software社製)で行い、アセンブリをphrap(The University of Washington)の高速版であるSPS Phrap(Southwest Parallel Software社製)で行った。アセンブリの結果得られるコンティグはグラフィカルエディター-consed(The University of Washington)を用いて解析した。ベースコールからアセンブリまでの一連の作業はconsedに付属するスクリプトphredPhrapを利用することで一括して行った。

【0204】(6)ギャップ部分の塩基配列決定

(3)で構築したコスミドライブラリー中の各コスミドを(4-1)に記載した2本鎖DNAプラスミド調製と同様な方法で調製した。このコスミドの挿入断片末端部の塩基配列をABI PRISM BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (PE Biosystems社製)を用いて、付属するマニュアルに従って決定した。

【0205】コスミド約800クローンの挿入断片の両末端のシーケンシングを行い、その配列と一致する(5)で得られたショットガンシーケンシング由来コンティグ

中の塩基配列を検索した。この作業により各コスミドクローンと各コンティグの連鎖関係を解明し、相互整列化を行った。また、この結果を *Corynebacterium glutamicum* ATCC13032株のフィジカルマップ [Mol. Gen. Genet., 252, 255-265 (1996)] と対応させることにより、コスミドとコンティグのマッピングを行った。

【0206】また、コンティグではカバーされない領域（ギャップ部）の配列は、以下の方法で決定した。コンティグの末端に位置する配列を含むクローンを選抜した。これらの中から、挿入断片の片側の末端のみの配列しか決定されていない約1,000クローンを選抜して、挿入断片の逆末端の配列を決定した。引き続き、2つのコンティグに、挿入断片のそれぞれの末端の配列が含まれるような全ゲノム由来ショットガンライブラリークローンまたはコスミドクローンを同定し、該クローンの挿入断片の全塩基配列を決定することにより、このギャップ部分の塩基配列を決定した。ギャップ部分をカバーするショットガンライブラリークローンもしくはコスミドクローンがない場合には、そのコンティグ末端の配列に相補するプライマーを作成し、PCRによってギャップ領域のDNA断片を増幅し、これを鋳型としたプライマーウォーキング法、もしくは増幅したPCR断片から調製したショットガンクローンの配列を決定するショットガン法によりシーケンシングを行い、該領域の塩基配列を決定した。

【0207】配列精度の低い領域については、consed (The University of Washington) のAUTOFINISH機能とNAVIGATING機能を利用してプライマーを合成し、プライマーウォーキング法により配列決定を行い配列精度を高めた。このようにして決定した *Corynebacterium glutamicum* ATCC13032株ゲノムの全塩基配列を配列番号1に示す。

【0208】(7) ORFの同定と機能推定
配列番号1に示される塩基配列中のORFの同定は、以下のように実施した。まず、UNIXプラットフォーム

上にてORF同定ソフトウェアGlimmer、GeneMark、およびGeneMark.hmmを用いて、ソフトウェアに付属するマニュアルに従って、ORF領域の推定を行った。それらの結果をもとに、配列番号1に示される塩基配列中のORFを同定した。ORFの機能推定は、同定されたORFの塩基配列をGeneBankデータベース由来の蛋白質コード領域からなるデータベースであるSwiss-Prot、PIR、GenPept等のアミノ酸データベースに対して、相同性検索ソフトウェアFrameSearch (Compugen社製) を用いた相同性検索することにより、または、同定されたORFのアミノ酸配列をGeneBankデータベース由来の蛋白質コード領域からなるデータベースであるSwiss-Prot、PIR、GenPept等のアミノ酸データベースに対して、相同性検索ソフトウェアBLASTを用いて相同性検索することにより行った。このようにして決定したORFの塩基配列を配列番号2～3501に、また当該ORFにコードされるアミノ酸配列を配列番号3502～7001に示す。

【0209】ここで、ATG以外の塩基配列TTG、TGT、GGT等も、Metをコードする開始コドンとされる場合がある。相同性検索ソフトウェアFrameSearch (Compugen社) によるアミノ酸翻訳配列での相同性検索の結果、該ORF配列と最も相同性が高いと判定される配列の上記データベースにおける登録番号およびその配列の遺伝子名、その遺伝子の機能、並びに該公知のアミノ酸翻訳配列との比較において見出された一致長とその同一性および類似性を第1-1～第1-180表に示した。更に当該位置を、任意のORFの塩基配列と配列番号1の塩基配列とのアラインメントを取ることにより確認した。ORF以外の塩基配列（例えばリボソームRNA遺伝子やトランスファーRNA遺伝子、IS配列等）についても、同様にゲノム上の位置決定をした。 *Corynebacterium glutamicum* ATCC13032株の代表的な遺伝子のゲノム上の位置を図1に示した。

【0210】

【表1】

第1-1表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一対一 (aa)	機能
2	3502	1	1372	1372	sp:R88523	<i>Brevibacterium flavum dnaA</i>	99.8	99.8	524	replication initiation protein DnaA
3	3503	1920	1597	324						
4	3504	2282	3473	1182	sp:DP3B_MYGSM	<i>Mycobacterium smegmatis dnaN</i>	50.5	81.8	390	DNA polymerase III beta chain
5	3505	3585	4766	1182	sp:RECF_MYGSM	<i>Mycobacterium smegmatis recF</i>	53.3	79.9	392	DNA replication protein (recF protein)
6	3506	4766	5299	534	sp:YREG_STRGO	<i>Streptomyces coelicolor yreG</i>	35.1	58.1	174	hypothetical protein
7	3507	5354	7486	2133	pir:S44198	<i>Mycobacterium tuberculosis H37Rv gyrB</i>	71.9	88.9	704	DNA topoisomerase (ATP-hydrolyzing)
8	3508	7830	8795	966						
9	3509	8466	8798	333						
10	3510	9582	10071	510						
11	3511	9914	9474	441						
12	3512	11177	10107	1071	sp:YV11_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis H37Rv</i>	29.4	50.7	422	NAGC/XYLR repressor
13	3513	11523	11263	261						
14	3514	11768	11523	246						
15	3515	11831	14398	2568	sp:GYRA_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0008 gyrA</i>	70.4	88.1	864	DNA gyrase subunit A
16	3516	14405	14746	342	pir:E70698	<i>Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0007</i>	29.5	89.6	112	hypothetical membrane protein
17	3517	16243	15209	1035	sp:YEIH_ECOLI	<i>Escherichia coli K12 yehH</i>	33.7	83.5	329	hypothetical protein
18	3518	16314	17207	894	sp:ABM42819.1	<i>Hydrogenophilus thermoluteolus TH-1 cbbR</i>	27.6	82.3	288	bacterial regulatory protein, LysR type
19	3519	17251	17870	420						
20	3520	18729	17860	870	sp:AF156103.2	<i>Rhodobacter capsulatus ccdA</i>	29.1	57.4	265	cytochrome c biogenesis protein
21	3521	19497	18736	762	pir:A49232	<i>Coxiella burnetii oml</i>	31.6	64.5	155	hypothetical protein
22	3522	19705	20073	369	pir:F70664	<i>Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1846c</i>	38.8	70.1	117	repressor
23	3523	20073	21066	993	sp:MLCB1789.6	<i>Mycobacterium lepre</i>	24.9	50.8	321	hypothetical membrane protein
24	3524	21253	21074	180	pir:140838	<i>Corynebacterium sp. ATCC 31090</i>	65.4	88.5	26	2,5-diketo-D-gluconic acid reductase
25	3525	21597	22124	528	sp:6NTD_VIBPA	<i>Vibrio parahaemolyticus nutA</i>	27.0	56.1	198	5'-nucleotidase precursor
26	3526	22164	21399	1236	sp:AE001809.7	<i>Deinococcus radiodurans DR0005</i>	27.0	56.7	270	5'-nucleotidase family protein
27	3527	23779	23615	165	pir:2513302C	<i>Corynebacterium striatum ORF1</i>	52.9	72.6	51	transposase
28	3528	24296	24729	435	pir:2413353A	<i>Xanthomonas campestris phaseoli ohr</i>	51.8	79.9	139	organic hydroperoxide detoxication enzyme
29	3529	26297	24885	1413	sp:REGG_THIFE	<i>Thiobacillus ferrooxidans recG</i>	32.7	60.8	217	ATP-dependent DNA helicase
30	3530	26338	26775	438						

【表2】

第1-2表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
31	3531	28099	28822	1278	sp:AMYH_YEAST VIR019C st1	Saccharomyces cerevisiae S288C	26.7	54.1	449	glucan 1,4-alpha-glucosidase
32	3532	29117	28164	854	sp:ERU62860.1	Erysipelothrix rhusiopathiae sw1A	28.9	63.7	311	lipoprotein
33	3533	29665	29117	849	sp:AF180570.3	Streptococcus pyogenes SF370 mtsC	34.8	74.1	286	ABC 3 transport family or integral membrane protein
34	3534	29996	30651	657	sp:FECOE_ECOLI	Escherichia coli K12 fecE	39.2	70.3	222	iron(III) dicitrate transport ATP-binding protein
35	3535	30697	31677	981	pir:A72417	Thermotoga maritima MSB8 TM0114	25.8	56.5	283	sugar ABC transporter, periplasmic sugar- binding protein
36	3536	31677	32699	1023	prf1207243B	Escherichia coli K12 rbsC	30.5	68.3	312	high affinity ribose transport protein
37	3537	32699	33457	759	sp:RBSA_BACSU	Bacillus subtilis 168 rbsA	32.2	76.7	236	ribose transport ATP-binding protein
38	3538	34280	33465	816	pir:J51116	Petromyzon marinus	23.6	44.4	347	neurofilament subunit NF-180
39	3539	34339	34899	561	sp:CYP4_MYCTU	Mycobacterium leprae H3TRV RV0009 ppiA	79.9	89.9	189	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase A
40	3540	34982	35688	887	sp:YODP_BACSU	Bacillus subtilis 168 yodP	29.2	53.1	226	hypothetical membrane protein
41	3541	37221	38198	978	sp:FEPQ_ECOLI	Escherichia coli K12 fepQ	40.4	70.5	332	ferric enterobactin transport system permease protein
42	3542	37242	36247	996	sp:VCU52150.9	Vibrio cholerae vibC	51.8	81.8	253	ATPase
43	3543	38202	38978	777	sp:VIUB_VIBVU	Vibrio vulnificus MO8-24 viub	26.2	62.7	260	vulnibactin utilization protein
44	3544	38978	39789	822	sp:YQ11_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0011c	40.0	72.8	95	hypothetical membrane protein
45	3545	40458	40189	270	sp:PKNB_MYCLE	Mycobacterium leprae pknB	40.9	68.7	848	serine/threonine protein kinase
46	3546	42513	40578	1938	sp:AF084711.1	Streptomyces coelicolor pksC	31.7	59.1	488	serine/threonine protein kinase
47	3547	43919	42513	1407	sp:AF241575.1	Streptomyces griseus ppsA	33.5	66.7	492	penicillin-binding protein
48	3548	45347	43928	1422	sp:SP5E_BACSU	Bacillus subtilis 168 spoVE	31.2	63.6	379	stage V sporulation protein E
49	3549	49489	45347	1143	sp:H70699	Mycobacterium tuberculosis H37Rv ppp	44.1	70.8	469	phosphoprotein phosphatase
50	3550	48021	46669	1353	pir:A70700	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0018c	38.7	66.5	155	hypothetical protein
51	3551	48485	48024	462	pir-B70700	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0020c	23.6	38.8	526	hypothetical protein
52	3552	49388	48505	864						
53	3553	49601	49455	147						
54	3554	50816	49897	720						
55	3555	50872	50754	219						
56	3556	51438	50968	471						
57	3557	53055	54008	954	sp:PH2M_TRICU	Trichosporon cutaneum ATCC 46490	29.9	63.3	117	phenol 2-monooxygenase

【表3】

【0212】

第1-3 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッパ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
58	3558	53095	51028	1470	sp:GABD_ECOLI	Escherichia coli K12 gabD	46.7	78.2	490	succinate-semialdehyde dehydrogenase (NAD(P)+)
59	3559	54080	55546	1467	sp:YRKH_BACSU	Bacillus subtilis yrkH	27.3	57.0	242	hypothetical protein
60	3560	56417	55629	789	sp:Y441_METJA	Methanococcus jannaschii MJ0441	29.0	64.1	262	hypothetical membrane protein
61	3561	56676	56380	291	sp:YRKH_BACSU	Bacillus subtilis yrkF	40.5	74.3	74	hypothetical protein
62	3562	57270	56680	591	sp:YCB1_SYNY3	Synechocystis sp. POC6803 slr1281	38.3	70.4	179	hypothetical protein
63	3563	57478	57651	174	pic:G70988	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1768	53.2	83.9	62	hypothetical protein
64	3564	60087	60941	855	sp:LMFL4768_11	Leishmania major L4768.11	28.8	60.7	310	hypothetical protein
65	3565	59031	59330	840						
66	3566	59932	60662	711						
67	3567	60689	62321	1633						
68	3568	63508	62380	1119	pic:F70952	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1238o corA	28.5	59.5	390	magnesium and cobalt transport protein
69	3569	64040	63594	447						
70	3570	64190	65458	1269	sp:AF179611_12	Zymomonas mobilis ZM4 cbb	30.0	64.8	400	chloride channel protein
71	3571	66197	65508	890	sp:PNUG_SALTY	Salmonella typhimurium pnUG	24.1	53.1	241	required for NMN transport
72	3572	66851	67072	1122	sp:PHOL_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2368C	29.1	60.0	340	phosphate starvation-induced protein-like protein
73	3573	68170	68301	132						
74	3574	68634	68251	384						
75	3575	69050	69824	765						
76	3576	70186	68720	1467	sp:CITM_BACSU	Bacillus subtilis citM	42.3	68.8	497	Mg(2+)/citrate complex secondary transporter
77	3577	70506	72158	1653	sp:DPIB_ECOLI	Escherichia coli K12 dpiB	27.2	60.6	563	two-component system sensor histidine kinase
78	3578	72043	71474	570						
79	3579	72161	72814	654	sp:DPIA_ECOLI	Escherichia coli K12 cdiA	33.2	63.3	229	transcriptional regulator
80	3580	73728	72817	912	sp:AF134895_1	Corynebacterium glutamicum unkd	43.3	73.7	293	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase
81	3581	73844	74272	429	sp:SCM2_3	Streptomyces coelicolor A3(2) SCM2.03	38.6	78.4	127	hypothetical protein
82	3582	74490	75491	1002	sp:BI0B_COROL	Corynebacterium glutamicum bioB	99.4	99.7	334	biotin synthase
83	3583	75506	75742	237	pic:H70542	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1590	72.1	79.1	43	hypothetical protein

【0213】

【表4】

第1-4表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
84	3584	75897	76035	339	sp:YK14_YEAST	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> YKL084w	34.1	83.5	85	hypothetical protein
85	3585	76353	76489	117						
86	3586	80753	80813	141	PIRF81737	<i>Chlamydia muridarum</i> Negt TC00129	71.0	75.0	42	hypothetical protein
87	3587	81274	81002	273	GSP-Y35814	<i>Chlamydia pneumoniae</i>	61.0	68.0	84	hypothetical protein
88	3588	83568	82120	1449	prf2512333A	<i>Streptomyces virgilliae</i> var S	23.6	59.0	507	integral membrane efflux protein
89	3589	84835	83681	1245	prD18505.1	<i>Bacillus</i> sp.	87.2	99.8	394	creatinine deaminase
90	3590	85403	85098	306						
91	3591	86277	85683	615						
92	3592	86318	87241	924	sp:HST2_YEAST	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> hst2	20.2	50.2	279	SIR2 gene family (silent information regulator)
93	3593	88532	87581	972	prf2318378A	<i>Propionibacterium acnes</i>	30.7	59.0	261	triacylglycerol lipase
94	3594	89444	88545	900	prf2318378A	<i>Propionibacterium acnes</i>	29.4	58.1	282	triacylglycerol lipase
95	3595	89558	90445	888						
96	3596	90973	90461	513	sp:AB029154.1	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ureR	90.6	94.7	171	transcriptional regulator
97	3597	91174	91473	300	sp:AB029154.2	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ureA	100.0	100.0	100	urease gamma subunit or urease structural protein
98	3598	91503	91988	486	sp:CGL251883.2	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 ureB	100.0	100.0	162	urease beta subunit
99	3599	91992	93701	1710	sp:CGL251883.3	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 ureC	100.0	100.0	570	urease alpha subunit
100	3600	93729	94189	471	sp:CGL251883.4	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 ureE	100.0	100.0	157	urease accessory protein
101	3601	94202	94879	678	sp:CGL251883.5	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 ureF	100.0	100.0	226	urease accessory protein
102	3602	94899	95513	616	sp:CGL251883.6	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 ureG	100.0	100.0	205	urease accessory protein
103	3603	95517	96395	849	sp:CGL251883.7	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 ureD	100.0	100.0	283	urease accessory protein
104	3604	97144	96368	777	prf2318328B	<i>Agrobacterium radiobacter</i> ec4A	21.2	48.4	278	apoptosis hydrolase
105	3605	97521	98189	669						
106	3606	98470	97319	1152	sp:AF148322.1	<i>Streptomyces viridifaciens</i> vlmF	28.5	59.7	347	vancomycin resistant protein
107	3607	98819	100493	675						
108	3608	101582	98808	2776						
109	3609	103455	101612	1824	sp:HTP-Q_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 htpQ	23.8	52.7	588	heat shock protein (hsp90-family)
110	3610	103494	104909	1416	sp:AMN_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 amn	41.0	68.2	481	AMP nucleotidase

【0214】

【表5】

第1-5表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
111	3611	105751	105173	579	pirE12483	Aeropyrum pernix K1 APE2509	28.6	56.7	196	acetate synthase large subunit
112	3612	106392	105841	552						
113	3613	107289	106930	660	sp:PUTA_SALTY	Salmonella typhimurium putA	25.8	50.4	1297	proline dehydrogenase/P5C dehydrogenase
114	3614	107435	110890	3456						
115	3615	111161	111274	114						
116	3616	111374	112318	945	sp:AAD_PHACH	Phanerochaete chrysosporium aad	30.2	60.7	338	aryl-alcohol dehydrogenase (NADP+)
117	3617	112470	114083	1614	sp:YDAH_ECOLI	Escherichia coli K12 ydah	36.5	71.4	513	pump protein (transport)
118	3618	114147	115478	1332	prf2422424A	Enterobacter agglomerans	23.0	49.2	352	indole-3-acetyl-Asp hydrolase
119	3619	115262	114584	699	sp:YIDH_ECOLI	Escherichia coli K12 yidH	35.9	70.8	108	hypothetical membrane protein
120	3620	115578	115943	366						
121	3621	115949	116263	315						
122	3622	118599	118548	2052	sp:ACGR_AGRU	Agrobacterium tumefaciens accR	29.5	59.7	258	transcriptional repressor
123	3623	119589	118810	780	pir-G70019	Bacillus subtilis yurT	67.9	78.6	126	methylglyoxalase
124	3624	120021	120410	390	sp:YC76_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1278c	37.0	64.8	162	hypothetical protein
125	3625	120822	120413	510	prf2309180A	Pseudomonas fluorescens mtID	43.5	70.4	497	mannitol dehydrogenase
126	3626	122459	120951	1509	prf2321326A	Klebsiella pneumoniae delT	30.3	66.3	435	D-arabinitol transporter
127	3627	123841	122507	1335	sp:GATR_ECOLI	Escherichia coli K12 gatR	27.3	64.6	280	galactitol utilization operon repressor
128	3628	123842	124030	189	sp:XYLB_STRRU	Streptomyces rubiginosus xyb	45.0	68.1	451	xylose kinase
129	3629	124130	124966	837						
130	3630	124932	126350	1419	sp:CGPAN.2	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 panC	100.0	100.0	279	pantoate-beta-alanine ligase
131	3631	127171	127992	822	sp:CGPAN.1	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 panB	100.0	100.0	271	3-methyl-2-oxobutanate hydroxymethyltransferase
132	3632	127189	126353	837						
133	3633	128004	127192	813	sp:3MG_ARATH	Arabidopsis thaliana mag	42.0	67.6	188	DNA-3-methyladenine glycosylase
134	3634	128049	128099	951	sp:AB020896.1	Petroleum-degrading bacterium HD-1 hd	36.3	69.3	270	esterase
135	3635	130118	129489	630						
136	3636	130145	130788	654	sp:CAH_METTE	Methanospirillum thermophilum	30.9	53.2	201	carbonate dehydratase
137	3637	131738	130815	924	sp:XYLR_BACSU	Bacillus subtilis W23 xylR	24.1	49.3	357	xylose isomerase repressor protein
138	3638	131788	132424	627	sp:LLPK214.12	Lactococcus lactis me214	21.1	61.2	418	microfibril efflux protein
139	3639	132424	132981	558						
140	3640	134113	132971	1143						
141	3641	135478	134207	1272						
142	3642	136321	135518	804						

【表6】

【0215】

第1-6表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致量 (aa)	機能
143	3843	138585	138722	444						
144	3844	138804	138744	1941						
145	3845	138781	140329	1539						
146	3846	138881	139228	638						
147	3847	140329	141789	1461	pirB39714	<i>Agrobacterium tumefaciens</i> cslA	24.3	51.2	420	cellulose synthase
148	3848	141786	143526	1731	sp:HKR1_YEAST	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> YDR420H hcr1	25.1	51.8	593	hypothetical membrane protein
149	3849	142455	143075	621						
150	3850	143575	144638	1065						
151	3851	144725	145480	756						
152	3852	146396	145518	879	sp:RARD_PSEAE	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> rcrD	34.7	60.7	303	chloramphenicol sensitive protein
153	3853	148522	147238	717	sp:YADS_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 yadS	30.3	59.1	198	hypothetical membrane protein
154	3854	147238	147570	333						
155	3855	148122	149780	1659						
156	3856	150930	149794	1137	sp:ABRB_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 abrB	32.4	62.3	361	transport protein
157	3857	151572	152368	798	sp:YFCA_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 yfaA	34.7	70.2	248	hypothetical membrane protein
158	3858	151588	150968	624						
159	3859	152410	152814	405						
160	3860	155613	153228	2388	sp:HRPB_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 hrpB	33.8	64.3	829	ATP-dependent helicase
161	3861	155853	158167	315						
162	3862	158821	156147	675	sp:NODL_RHILV	<i>Rhizobium leguminosarum</i> bv. viciae plasmid pRL1J1 nodL	40.4	66.0	188	nodulation protein
163	3863	158848	157537	890	sp:ALKB_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> o373H1 alkB	34.7	60.7	219	DNA repair system specific for alkylated DNA
164	3864	157814	158138	525	sp:3MG1_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 tag	39.8	65.1	186	DNA-3-methyladenine glycosylase
165	3865	158154	158831	678	sp:RHTC_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 rhtC	34.1	61.3	217	threonine efflux protein
166	3866	158889	159158	269	sp:YAAA_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> yaaA	50.9	72.7	55	hypothetical protein
167	3867	159162	160013	852	prf:2510326B	<i>Streptomyces peuceatus</i> drpV	31.0	52.1	284	doxorubicin biosynthesis enzyme
168	3868	160029	160370	342	sp:SPAC1250.3	<i>Schizosaccharomyces pombe</i> SPAC1250.04c	35.6	56.7	104	methyltransferase
169	3869	160431	161360	930						
170	3870	161698	162352	657						
171	3871	162295	161363	833						
172	3872	162463	162867	405	sp:AE002420.13	<i>Neisseria meningitidis</i> MC58 NMB0862	41.5	76.3	118	ribonuclease
173	3873	162965	163803	839						
174	3874	165717	166457	741						
175	3875	165755	163889	2067	sp:AF178589.1	<i>Mus musculus</i> nli	28.5	57.2	722	neprilysin-like metalloproteinase 1

【表7】

【0216】

第1-7 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
176	3676	166457	167419	963	sp:FARR_ECOLI	Escherichia coli K12 farR	29.8	65.6	238	transcriptional regulator, GntR family or fatty acyl-responsive regulator
177	3677	166595	167637	759	pir114544	Beta vulgaris	28.6	63.0	332	fructokinase or carboxylate kinase
178	3678	166976	168091	1017	sp:SC8F11_3	Streptomyces coelicolor A3(2)	52.7	80.7	296	hypothetical protein
179	3679	169996	170916	921	prf2204281A	Streptomyces coelicolor msdA	61.0	86.1	498	methylenedioxy acid semialdehyde dehydrogenase
180	3680	170933	172444	1512	sp:OLB_BACSU	Bacillus subtilis iolB	33.2	58.2	268	myo-inositol catabolism
181	3681	172468	173355	888	sp:OLD_BACSU	Bacillus subtilis iolD	41.0	69.8	586	myo-inositol catabolism
182	3682	173348	175275	1728	sp:MOCC_RHIME	Rhizobium melioid mocc	29.7	51.0	290	rhizopine catabolism protein
183	3683	175319	176272	954	sp:MID_BACSU	Bacillus subtilis iolH or iolG	39.1	72.2	335	myo-inositol 2-dehydrogenase
184	3684	176308	177318	1011	sp:OLH_BACSU	Bacillus subtilis iolH	44.6	72.1	287	myo-inositol catabolism
185	3685	177334	178203	870	sp:TCMA_STRQA	Streptomyces glaucosens tcmA	30.8	61.5	457	metabolite export pump of tetracycline C resistance
186	3686	178285	179656	1374	sp:YVAA_BACSU	Bacillus subtilis yvxA	31.1	65.5	354	oxidoreductase
187	3687	179081	179481	821	sp:SRE9798_1	Streptomyces reticuli eobR	32.0	61.9	331	regulatory protein
188	3688	179689	180711	1023	sp:Y4HM_RHISN	Rhizobium sp. NGR234 y4hm	24.4	52.5	442	oxidoreductase
189	3689	180842	181297	456	sp:YFIH_BACSU	Bacillus subtilis yfiH	33.7	64.7	303	hypothetical protein
190	3690	181284	181847	384	sp:OSP_ARTGO	Streptomyces coelicolor A3(2)	70.3	92.2	64	cold shock protein
191	3691	182679	183687	883	prf2113413A	Stellaria longipes	30.6	58.2	134	caffeoyl-CoA 3-O-methyltransferase
192	3692	183819	184051	1233	sp:CCPA_BACSU	Bacillus subtilis ccpA	28.7	62.1	338	glucose-resistance amylase regulator
193	3693	184077	185087	1011	sp:XYLT_LACBR	Lactobacillus brevis xyfT	38.0	70.5	458	D-xylose protein symporter
194	3694	185214	185942	429	sp:AF189147_1	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 top	100.0	100.0	401	trepanase (ISCg2)
195	3695	186508	186708	201	sp:FXL_RHIME	Rhizobium melioidi fxl	27.6	60.7	145	signal-transducing histidine kinase
196	3696	186789	187302	534						
197	3697	187302	187807	306						
198	3698	187687	188100	414						
199	3699	188725	189300	426						
200	3700	189736	189747	980						
201	3701	189920	190321	402						
202	3702	190828	190869	240						
203	3703	192175	192703	1473						
204	3704	193248	193249	300						
205	3705	193262	194464	1203						
206	3706	195038	194604	435						

【表8】

【0217】

第1-8 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッシュ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
207	3707	195240	199769	4530	gp:AB024708_1	Corynebacterium glutamicum gltB	99.9	100.0	1510	glutamine 2-oxoglutarate aminotransferase large subunit
208	3708	199772	201289	1518	gp:AB024708_2	Corynebacterium glutamicum gltD	99.4	99.8	506	glutamine 2-oxoglutarate aminotransferase small subunit
209	3709	201580	201341	240	pir-C70783	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3698	44.6	72.8	496	hypothetical protein
210	3710	203244	201760	1485						
211	3711	205588	205356	369						
212	3712	208088	208385	318						
213	3713	207011	203541	3471	prf:2224383C	Mycobacterium avium ambB	39.8	70.6	1122	arabinosyl transferase
214	3714	208989	207007	1983	pir-D70697	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3782	35.0	68.1	651	hypothetical membrane protein
215	3715	209968	209210	759	prf:2504279B	Pseudomonas sp. phbB	31.4	58.5	223	acetoacetyl CoA reductase
216	3716	211455	209992	1464	pir-B70697	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3790	66.0	85.1	464	oxidoreductase
217	3717	211768	211535	234						
218	3718	211777	212283	507						
219	3719	212283	212735	453						
220	3720	212656	213657	1002	gp:MA243459_1	Leishmania major ppk1	24.3	57.4	350	proteophosphoglycan
221	3721	213712	214107	396	sp:Y06N_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3789	60.5	83.9	124	hypothetical protein
222	3722	214121	214522	402						
223	3723	214527	215159	633	pir-H70686	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1884c	43.2	73.8	208	hypothetical protein
224	3724	216100	215162	939	pir-B70698	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3782 rfbE	63.6	79.1	302	mannosyl transferase
225	3725	216264	216605	342						
226	3726	216712	216116	597	gp:AB016260_100	Agrobacterium tumefaciens plasmid pTi-SAKURA tier100	31.3	55.1	214	hypothetical protein
227	3727	217929	217141	789	sp:RFBE_YEREN	Yersinia enterocolitica rfbE	47.0	78.4	236	O-antigen export system ATP-binding protein
228	3728	218746	217943	804	sp:RFBD_YEREN	Yersinia enterocolitica rfbD	31.3	75.8	262	O-antigen export system permease protein
229	3729	218979	220151	1173	pir:F70695	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv378c	36.5	63.0	416	hypothetical protein
230	3730	221107	220154	954	gp:AF010309_1	Homo sapiens pik3	41.1	71.5	302	NADPH quinone oxidoreductase
231	3731	221712	221131	582						

【表9】

第1-9 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	モチーフ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
232	3732	221911	222207	297	PIRA70808	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3571	35.0	51.0	78	probable electron transfer protein
233	3733	223685	222210	1476	sp:ALST_BACSU	Bacillus subtilis eldT	48.7	75.8	475	amino acid carrier protein
234	3734	224338	225244	809	sp:SYPCMOEB_1	Synechococcus sp. PCC 7942 moaB	43.8	70.1	368	molybdopterin biosynthesis protein moaB (sulfurylase)
235	3735	226324	225242	1083	prf:2403296D	Arthrobacter nicotinovorans moaE	44.7	75.3	150	molybdopterin synthase, large subunit
236	3736	226787	228312	466	sp:MOCB_SYN7	Synechococcus sp. PCC 7942 moaCB	33.5	63.3	158	molybdenum cofactor biosynthesis protein CB
237	3737	227230	226780	471	prf:2403296C	Arthrobacter nicotinovorans moaC	61.7	84.4	154	co-factor synthesis protein
238	3738	227685	227218	468	sp:ANY10817.2	Arthrobacter nicotinovorans moaA	34.5	58.8	377	molybdopterin co-factor synthesis protein
239	3739	228887	227703	1185	prf:2403298F	Arthrobacter nicotinovorans moaB	44.1	70.5	227	hypothetical membrane protein
240	3740	229813	228891	723	prf:2403298E	Arthrobacter nicotinovorans moaA	34.0	68.0	258	molybdate-binding periplasmic protein
241	3741	230514	229711	804	pir-D70818	Mycobacterium tuberculosis H37Rv moaD2	37.5	70.8	96	molybdopterin converting factor subunit 1
242	3742	230608	230928	321	prf:2518354A	Thermococcus litoralis mlk	34.3	60.8	385	mitoses transport protein
243	3743	231842	230931	912	sp:YPT3_STRCO	Streptomyces coelicolor A3(2) ORE3	36.4	78.9	121	hypothetical membrane protein
244	3744	232267	231848	420	sp:HUSB_ZYMMO	Zymomonas mobilis HsC	37.3	65.8	330	histidinol-phosphate aminotransferase
245	3745	233282	232260	1023	sp:BAU81288.1	Brucella abortus oxyR	29.4	57.1	262	transcription factor
246	3746	233913	234818	906	sp:ADH2_BACST	Bacillus stearothermophilus DSM 2334 adh	34.0	68.0	335	alcohol dehydrogenase
247	3747	235203	234910	284	sp:PUO_MIGRU	Micrococcus rubens puo	21.5	38.1	451	putrescine oxidase
248	3748	235290	235409	120	prf:2305239A	Borrelia burgdorferi mgE	30.9	68.5	444	magnesium ion transporter
249	3749	236212	235451	762	prf:2320140A	Xanopus laevis	33.2	59.8	567	Na/dicarboxylate cotransporter
250	3750	236326	237342	1017	pir-C70800	Mycobacterium tuberculosis H37Rv tyrA	46.1	69.1	317	oxido-reductase
251	3751	237345	238145	801	pir-B70800	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3753c	48.8	73.8	160	hypothetical protein
252	3752	238176	239525	1350						
253	3753	239772	239845	174						
254	3754	239986	241515	1530						
255	3755	242802	241883	1020						
256	3756	242910	243431	522						

【表10】

第1-10表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
257	3757	243494	243910	417	gp:RHBNFXP_1	<i>Bradyrhizobium japonicum</i>	45.1	70.1	144	nitrogen fixation protein
258	3758	244015	244215	201						
259	3759	244466	244816	351						
260	3760	244902	247304	2403	sp:YV34_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	20.7	45.7	997	membrane transport protein
261	3761	247310	248572	1263	sp:IGT_ZYMMO	<i>H37Rv Rv0507 mmpL2</i>	41.3	68.0	400	guanine tRNA-ribosyltransferase
262	3762	248284	248557	273	sp:YDPD_BACSU	<i>Zymomonas mobilis</i>	28.1	62.1	203	hypothetical membrane protein
263	3763	249428	250507	1080						
264	3764	250369	249722	648						
265	3765	250903	251938	1437	plr:S65586	<i>Streptomyces glaucocens strW</i>	24.3	49.8	528	ABC transporter
266	3766	251952	252830	879	sp:SYE_BACSU	<i>Bacillus subtilis strX</i>	34.8	63.3	316	glutamyl-tRNA synthetase
267	3767	253819	252830	980	gp:PSESTBCBAD	<i>Pseudomonas syringae tnpA</i>	34.2	55.0	360	transposase
268	3768	255438	254329	1110						
269	3769	255784	255492	303						
270	3770	256067	256204	138						
271	3771	256599	257894	1296	ssp:W69554	<i>Brevibacterium lactofermentum</i> aspC	98.6	100.0	432	aspartate transaminase
272	3772	257900	258529	630						
273	3773	258551	260875	2325	gp:AF025391_1	<i>Thermus thermophilus dnaX</i>	31.6	53.1	642	DNA polymerase III holoenzyme tau subunit
274	3774	259312	258598	717						
275	3775	260987	261295	309	sp:YAAK_BACSU	<i>Bacillus subtilis yaak</i>	41.6	74.3	101	hypothetical protein
276	3776	261402	262055	654	sp:REGR_BACSU	<i>Bacillus subtilis recR</i>	42.6	72.4	214	recombination protein
277	3777	263285	262546	750	prf2503463B	<i>Helicobacterium mobilis cobQ</i>	38.3	61.7	248	cohydic acid synthase
278	3778	264566	263298	1269	prf2503463C	<i>Helicobacterium mobilis murC</i>	31.3	60.8	444	UDP-N-acetylmuramyl tripeptide synthetase
279	3779	265678	264599	1080	pic:H70784	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv dnaQ	26.7	55.2	346	DNA polymerase III epsilon chain
280	3780	269124	268258	887	sp:YLEU_CORGL	<i>Corynebacterium glutamicum</i> (<i>Brevibacterium flavum</i>) ATCC 13032 orfX	100.0	100.0	270	hypothetical membrane protein
281	3781	269371	270633	1263	sp:AKAB_CORGL	<i>Corynebacterium glutamicum</i> lysC-alpha	89.5	99.8	421	aspartate kinase alpha chain
282	3782	270578	269524	1053						
283	3783	271761	273194	1434						
284	3784	274120	273542	579	prf2312309A	<i>Mycobacterium smegmatis sigE</i>	31.2	63.5	189	extracytoplasmic function alternative sigma factor

【0220】

【表11】

第1-11表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致量 (aa)	機能
285	3785	274366	275871	1506	sp:CATV_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> latA	52.9	76.4	492	vegetative catelase
286	3786	275891	276232	342						
287	3787	276247	276967	720	sp:LRP_KLEPN	<i>Klebsiella pneumoniae</i> lrp	37.1	72.0	143	leucine-responsive regulatory protein
288	3788	276763	276302	462	sp:AZLC_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> lal1 azcC	30.5	68.0	203	branched-chain amino acid transport
289	3789	276829	277581	753						
290	3790	277681	277904	324						
291	3791	278301	277987	315	sp:AF178758.1	<i>Sinorhizobium</i> sp. Aa4 araR	34.4	68.9	80	metalloregulatory protein
292	3792	278732	278388	345	sp:AF178758.2	<i>Sinorhizobium</i> sp. Aa4 araB	52.2	84.2	341	arsenic oxyanion-translocation pump
293	3793	278814	279893	1080	sp:ARSC_STAXY	<i>Staphylococcus xylopus</i> araC	31.1	68.9	119	arsenate reductase
294	3794	279883	280278	387						
295	3795	280666	280349	318						
296	3796	280939	280870	270						
297	3797	281401	280949	453						
298	3798	282933	281404	1530	sp:AF097740.4	<i>Bacillus firmus</i> OF4 mrpD	32.4	70.4	503	Na ⁺ /H ⁺ antiporter or multiple resistance and pH regulation related protein D
299	3799	283317	282937	381	prf:2504285D	<i>Staphylococcus aureus</i> mnhC	37.0	70.6	119	Na ⁺ /H ⁺ antiporter
300	3800	288202	283317	2886	sp:AF097740.1	<i>Bacillus firmus</i> OF4 mrpA	34.1	64.3	824	Na ⁺ /H ⁺ antiporter and pH regulation related protein A
301	3801	288373	287657	1485						
302	3802	287661	287058	603						
303	3803	288879	287986	884						
304	3804	289798	289131	666	sp:GZCR_ALOEU	<i>Alcaligenes eutrophus</i> CH34 czeR	38.6	70.4	223	transcriptional activator
305	3805	291243	289777	1497	prf:2214304B	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> mtrB	28.7	66.8	621	two-component system sensor histidine kinase
306	3806	291815	292417	803	sp:APL_LACLA	<i>Lactococcus lactis</i> MG1363 apl	28.3	60.0	180	alkaline phosphatase
307	3807	291833	291273	561	prf:B89865	<i>Bacillus subtilis</i> ykuE	26.1	54.7	307	phosphoesterase
308	3808	293511	292597	915	sp:YOEY_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> yoeY	37.6	71.8	148	hypothetical protein
309	3809	293539	293091	453	prf:2209359A	<i>Mycobacterium leprae</i> pon1	48.3	77.1	782	class A penicillin-binding protein(PBP1)
310	3810	298388	294004	2385	prf:S20912	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) whiB	40.9	63.4	71	regulatory protein
311	3811	297084	297402	339						
312	3812	297431	297622	192						
313	3813	297631	297783	153	sp:SGH17.10	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SCH17.10c	84.0	98.0	50	hypothetical protein
314	3814	297782	298250	469	prf:G70780	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv3678c	65.1	89.9	149	transcriptional regulator
315	3815	298684	298332	1353	sp:SHIA_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 shiA	37.3	68.9	440	shikimate transport protein

【0221】

【表12】

第1-12 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致量 (aa)	機能
316	3816	30087	30095	89						
317	3817	30126	29976	1536	sp:LCFA_BACSU	Bacillus subtilis lcfA	31.1	59.8	534	long-chain-fatty-acid-CoA lyase
318	3818	302036	301512	525	gpr:SCJ4_28	Streptomyces coelicolor A3(2) SCJ4_28c	33.9	86.4	127	transcriptional regulator
319	3819	302167	303099	933	sp:FABG_BACSU	Bacillus subtilis fabG	41.0	72.5	251	3-oxoacyl-(acyl-carrier-protein) reductase
320	3820	303133	304074	942	sp:FLUO_EMENI	Emicella radulans fluQ	27.2	52.0	254	glutamine synthetase
321	3821	304070	305263	1194	prf2512386A	Arabidopsis thaliana atg6	38.8	68.5	384	short-chain acyl-CoA oxidase
322	3822	305288	305758	471	sp:NODN_RHILV	Rhizobium leguminosarum nodN	45.8	72.6	153	modulation protein
323	3823	305858	306700	843	pir-F70790	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3877c	41.2	72.4	272	hydrolase
324	3824	306367	305195	1173						
325	3825	306800	307504	705						
326	3826	307462	308782	681	prf2323349A	Vibrio cholerae ctp	30.9	65.7	207	cAMP receptor protein
327	3827	307918	307727	182						
328	3828	307865	308734	780	sp:UVEN_MICLU	Micrococcus luteus pdx	67.5	77.1	240	ultra violet N-dyosylase/AP lyase
329	3829	308745	309302	558	pir-B70790	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3873c	34.6	58.3	211	cytochrome c biogenesis protein
330	3830	309370	310038	669	sp:YEAB_ECOLI	Escherichia coli K12 yaeB	30.7	56.3	192	hypothetical protein
331	3831	310135	311325	1191	pir-H70789	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3871c	38.6	71.0	396	serine proteinase
332	3832	312891	311899	993	prf2411250A	Corynebacterium sp. C12 cEH	29.8	52.1	280	apoptase hydrolase
333	3833	313457	312908	549	pir-F70789	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3869	46.8	77.8	156	hypothetical membrane protein
334	3834	314590	313625	968	pir-S72914	Mycobacterium leprae MTCY20G3.32C_serB	29.8	65.5	287	phosphoserine phosphatase
335	3835	314980	316002	1023	pir-E70788	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3860c	35.0	60.2	349	hypothetical protein
336	3836	316110	317132	1023	pir-C44020	Escherichia coli trbB	32.9	68.5	319	conjugal transfer region protein
337	3837	316984	316350	615						
338	3838	317078	317893	816	pir-C70788	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3858c	30.5	63.7	282	hypothetical membrane protein
339	3839	317920	318465	546	pir-B70788	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3857c	33.8	64.2	201	hypothetical protein
340	3840	318492	318889	198	pir-A70788	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3856c	47.5	84.8	59	hypothetical protein
341	3841	318896	319013	318						
342	3842	318958	318545	414						

第1-13表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致度 (aa)	機能
343	3843	318335	318335	345	sp:YPR4_BACSU	Bacillus subtilis yprA	33.8	68.1	764	ATP-dependent RNA helicase
344	3844	321690	319338	2355	sp:YPR4_BACSU	Bacillus subtilis yprA	33.8	68.1	764	ATP-dependent RNA helicase
345	3845	322007	322207	201	sp:CSP_ARTGO	Arthrobacter globiformis SIB5 csp	68.7	88.1	67	cold shock protein
346	3846	322218	321992	225	sp:CSP_ARTGO	Arthrobacter globiformis SIB5 csp	68.7	88.1	67	cold shock protein
347	3847	322910	325897	2988	plc:G70563	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3848c topA	61.7	81.6	977	DNA topoisomerase I
348	3848	325804	326814	711	sp:CYAB_STIAU	Stigmatella aurantiaca B17R20 cyaB	32.7	62.4	263	adenylate cyclase
349	3849	327735	326895	1041	sp:DP3X_BACSU	Bacillus subtilis dnaX	25.3	52.7	423	DNA polymerase III subunit tau/epsilon
350	3850	328263	329639	1257	sp:AE002103.3	Ureaplasma urealyticum uo033	32.8	59.0	144	hypothetical protein
351	3851	329748	329809	162	sp:AE002103.3	Ureaplasma urealyticum uo033	32.8	59.0	144	hypothetical protein
352	3852	329933	330378	444	sp:AE001882.8	Deinococcus radiodurans DR0202	39.0	63.4	172	hypothetical protein
353	3853	330973	331533	561	sp:RLUC_ECOLI	Escherichia coli K12 rluc	43.6	65.0	314	ribosomal large subunit pseudouridine synthase C
354	3854	331552	332433	882	sp:BGLX_ERWCH	Erwinia chrysanthemi D1 bpxA	34.8	60.2	558	beta-glucosidase
355	3855	332918	334562	1644	sp:AF090429.2	Acetivibrio irakense saB	38.6	61.4	101	beta-glucosidase
356	3856	332965	334953	1989	sp:FADH_AME	Amecolopsis methanolica	68.6	88.5	362	NAD/methylol-dependent formaldehyde dehydrogenase
357	3857	335009	336112	1104	sp:FADH_AME	Amecolopsis methanolica	68.6	88.5	362	NAD/methylol-dependent formaldehyde dehydrogenase
358	3858	335805	335185	621	sp:YTH5_RHOSH	Rhodococcus erythropolis orf5	32.5	47.5	160	metal-beta-lactamase superfamily
359	3859	336212	336748	537	sp:FABG_ECOLI	Escherichia coli K12 fabG	25.9	55.8	251	3-oxoacyl-acyl-carrier-protein reductase
360	3860	336781	337449	668	sp:FABG_ECOLI	Escherichia coli K12 fabG	25.9	55.8	251	3-oxoacyl-acyl-carrier-protein reductase
361	3861	337539	338768	1230	sp:AF148322.1	Streptomyces viridifaciens vimF	28.3	58.4	415	valaninycin resistant protein
362	3862	338793	339725	933	prf:2512357B	Actinoplanes sp. acbB	33.8	68.3	320	dTDP-glucose 4,6-dehydratase
363	3863	340569	340195	375	plc:A70562	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3832	59.3	88.9	108	hypothetical protein
364	3864	341327	340589	769	sp:YC22_METJA	Methanococcus jannaschii JAL-1 MJ122	33.9	68.5	230	dolichol phosphate mannose synthase
365	3865	341347	342375	1029	sp:YEFJ_ECOLI	Escherichia coli K12 yefJ	25.8	57.3	280	nucleotide sugar synthetase
366	3866	342417	343451	1035	sp:YEFJ_ECOLI	Escherichia coli K12 yefJ	25.8	57.3	280	nucleotide sugar synthetase
367	3867	343636	345717	2082	sp:USHA_SALTY	Salmonella typhimurium ushA	26.1	54.4	586	UDP-sugar hydrolase
368	3868	345975	345814	162	sp:USHA_SALTY	Salmonella typhimurium ushA	26.1	54.4	586	UDP-sugar hydrolase
369	3869	346460	346110	351	sp:ADH_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv adhC	52.2	74.9	343	NADP-dependent alcohol dehydrogenase
370	3870	348019	346981	1069	sp:ADH_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv adhC	52.2	74.9	343	NADP-dependent alcohol dehydrogenase
371	3871	348952	348098	855	sp:RFBA_SALAN	Salmonella anatum M32 rfaA	62.8	84.9	285	glucose-1-phosphate thymidyltransferase

【表14】

【0223】

第1-14 表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	ドメイン	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
372	3872	350310	348952	1359	gp:D78182.5	<i>Streptococcus mutans</i> rmlC	49.5	74.0	192	dTDP-4-keto-5-rhamnose reductase
373	3873	351443	350313	1131	gp:RMLB_STRMU	<i>Streptococcus mutans</i> XC rmlB	61.8	83.4	343	dTDP-glucose 4,6-dehydratase
374	3874	351948	351370	579	sp:NOX_THETH	<i>Thermus aquaticus</i> HB9 nox	35.4	61.2	206	NADH dehydrogenase
375	3875	352693	353837	945	prf:2510381A	<i>Staphylococcus aureus</i> sirA	33.2	68.6	325	Fe-regulated protein
376	3876	354387	353749	639						
377	3877	355908	354589	1308	sp:Y17M_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv3830	37.4	68.3	423	hypothetical membrane protein
378	3878	357228	355849	1380	gp:SCSF2A_19	<i>Streptomyces coelicolor</i> SCSEFA.19c	34.1	62.5	461	metalloproteinase
379	3879	359394	357237	2118	prf:2502226A	<i>Shinkomonas capsulata</i>	28.4	58.4	708	prolyl endopeptidase
380	3880	360334	359762	573						
381	3881	361906	360814	1092	gp:SCF43.2	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2)	26.0	48.0	258	hypothetical membrane protein
382	3882	363151	362057	1095	ssp:W56155	<i>Corynebacterium ammoniagenes</i> ATCC 6872	50.7	78.8	363	cell surface layer protein
383	3883	363824	365257	1434	prf:2404346B	<i>Acinetobacter johnsonii</i> ptk	28.5	57.2	453	autophosphorylating protein Tyr kinase
384	3884	365250	365852	603	prf:2404346A	<i>Acinetobacter johnsonii</i> ptp	39.2	68.6	102	protein phosphatase
385	3885	365855	366838	984						
386	3886	366832	368843	1812	sp:CAPD_STAAL	<i>Staphylococcus aureus</i> M capD	33.0	65.7	613	capsular polysaccharide biosynthesis
387	3887	368642	367701	942	PRF:2109288X	<i>Vibrio cholerae</i>	41.0	51.0	80	ORF 3
388	3888	368647	369801	1155	prf:2423410L	<i>Campylobacter jejuni</i> wiaK	37.1	68.3	394	lipopolysaccharide biosynthesis / aminotransferase
389	3889	369794	370405	612	gp:AF014804.1	<i>Naissaria meningitidis</i> pilB	54.6	75.0	198	pilin glycosylation protein
390	3890	370613	371773	1161	gp:CAPM_STAAL	<i>Staphylococcus aureus</i> M capM	33.4	69.2	380	capsular polysaccharide biosynthesis
391	3891	371929	373419	1491	pir:S67859	<i>Xanthomonas campestris</i> gumJ	34.3	69.8	504	lipopolysaccharide biosynthesis / export protein
392	3892	373500	374813	1314	sp:MURA_ENTCL	<i>Enterobacter cloacae</i> murA	31.4	64.6	427	UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase
393	3893	374833	375837	1005	sp:MURB_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> murB	34.8	68.5	273	UDP-N-acetylenolpyruvoylglucosamine reductase
394	3894	375842	376876	1035	gp:VGLPSS.9	<i>Vibrio cholerae</i> ORF39-2	32.0	57.3	358	sugar transferase
395	3895	377863	377832	130	prf:2211235A	<i>Corynebacterium glutamicum</i>	60.4	79.3	53	transposase
396	3896	378093	378227	135						
397	3897	378185	378511	327	pir:S43613	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 31831	75.7	94.3	70	transposase (insertion sequence IS11831)
398	3898	378582	378287	278						
399	3899	379837	378668	1170	pir:C70539	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv1565c	28.0	57.4	404	hypothetical protein

【表15】

第1-15 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致率 (aa)	機能
400	3900	380842	379850	993	ssp:W47352	Pseudomonas aeruginosa PAO1 p5bC	34.5	60.2	354	acetyltransferase
401	3901	381265	381485	231	PIR560990	Corynebacterium glutamicum	44.0	53.0	85	hypothetical protein B
402	3902	381948	383108	1181	sp:UDG8_ECOLI	Escherichia coli ugd	63.7	89.7	388	UDP-glucose 6-dehydrogenase
403	3903	383768	383488	273						
404	3904	385190	383982	1209	sp:AF172324.3	Escherichia coli wbaA	32.1	65.0	243	glycosyl transferase
405	3905	388195	385374	822	sp:AB008676.13	Escherichia coli 0157 vbbH	33.0	82.0	221	acetyltransferase
406	3906	388556	387200	645						
407	3907	387657	387463	195	sp:COLPD_1	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 lpd	89.6	100.0	469	dihydrolipoamide dehydrogenase
408	3908	387692	389098	1407	pir:JC4985	Xanthomonas campestris	41.7	68.1	295	UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase
409	3909	389248	390168	921	sp:PAU49666.2	Pseudomonas aeruginosa PAO1 orfX	43.8	71.9	163	regulatory protein
410	3910	390233	390730	498	pir:E70828	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0465c	57.0	81.3	477	transcriptional regulator
411	3911	392208	390787	1422	sp:SCM10_12	Streptomyces coelicolor A3(2) SCM10.12c	34.8	67.4	230	cytochrome b subunit
412	3912	392705	393475	771	pir:A27763	Bacillus subtilis sbaA	32.4	61.2	608	succinate dehydrogenase flavoprotein
413	3913	393639	395513	1876	sp:BMSDHCAB_4	Paenibacillus macerans sdbB	27.5	56.2	258	succinate dehydrogenase subunit B
414	3914	395426	396262	837						
415	3915	396315	396650	336						
416	3916	396672	396932	261						
417	3917	397040	396411	830						
418	3918	397730	397825	98						
419	3919	397884	398222	339						
420	3920	398206	397232	975	sp:SCG78.5	Streptomyces coelicolor SCG78.05	26.3	49.8	259	hypothetical protein
421	3921	398329	399578	1251	sp:YJIN_ECOLI	Escherichia coli K12 yjIN	32.7	64.3	431	hypothetical protein
422	3922	399588	400017	420						
423	3923	400039	400341	303						
424	3924	400473	401150	678	sp:TCMR_STRGA	Streptomyces glaucusens GLA.0 temR	26.4	53.8	197	tetracycline C transcription repressor
425	3925	401050	401253	204						
426	3926	401150	402798	1647	sp:AF164961.8	Streptomyces fradiae T#2717 urdJ	36.1	74.6	499	transporter
427	3927	402799	404430	1632	sp:AF164961.8	Streptomyces fradiae T#2717 urdJ	39.6	74.6	508	transporter

【0225】

【表16】

第1-16 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF 長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致率 (aa)	機能
428	3928	405418	404508	912	sp:PURO.GORSP	<i>Corynebacterium</i> sp. P-1 purU	40.9	72.7	286	formyltetrahydrofolate deformylase
429	3929	405480	408145	668	sp:DEOC.BAGSU	<i>Bacillus subtilis</i> deoC	38.5	74.0	208	deoxyribose-phosphate aldolase
430	3930	408310	408161	150						
431	3931	408417	405521	897						
432	3932	406550	407416	867	prf:2413441K	<i>Mycobacterium avium</i> GIR10 mv346	26.8	53.6	280	hypothetical protein
433	3933	407708	407409	300	pir-A70907	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv0190	58.7	85.9	92	hypothetical protein
434	3934	408548	409145	600						
435	3935	409375	407711	2285	sp:GTPB.MYCLE	<i>Mycobacterium leprae</i> ctpB	45.7	75.3	748	cation-transporting P-type ATPase B
436	3936	410476	410027	450						
437	3937	410683	412545	1883	sp:AMYL.YEAST	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> S288C YIR019C ste1	27.3	58.1	626	glucan 1,4-alpha-glucosidase
438	3938	412557	413633	1077	gp:AF109162.1	<i>Corynebacterium diphtheriae</i> hmuj	57.2	83.8	348	hemin-binding periplasmic protein
439	3939	413643	414710	1068	gp:AF109162.2	<i>Corynebacterium diphtheriae</i> hmuj	65.2	90.3	330	ABC transporter
440	3940	414714	415528	813	gp:AF109162.3	<i>Corynebacterium diphtheriae</i> hmuj	63.8	85.0	254	ABC transporter ATP-binding protein
441	3941	415643	416599	957	gp:SCC75A_17	<i>Streptomyces coelicolor</i> G75A SCC75A_17c	28.6	58.4	266	hypothetical protein
442	3942	416603	417439	837	gp:SCC75A_17	<i>Streptomyces coelicolor</i> G75A SCC75A_17c	32.6	61.8	258	hypothetical protein
443	3943	418354	417645	810						
444	3944	419253	418441	813						
445	3945	419757	419257	501						
446	3946	419785	420885	1101	gp:ECONURBA_1	<i>Escherichia coli</i> RDB012 murB	30.1	58.4	356	UDP-N-acetylpyruvoylglucosamine reductase
447	3947	420888	421518	631						
448	3948	421043	420309	715						
449	3949	421858	422031	174						
450	3950	423783	422050	1704	sp:LCFA.BAOSU	<i>Bacillus subtilis</i> lcfA	35.6	68.1	558	long-chain-fatty-acid-CoA ligase
451	3951	423878	425131	1254	gp:SCC75A_6	<i>Streptomyces coelicolor</i> SCC75A_6	33.9	58.7	416	transferase
452	3952	425177	425920	744	sp:PMGY.STROO	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) gpm	70.7	84.2	246	phosphoglycerate mutase
453	3953	425934	427172	1239	prf:2404434A	<i>Mycobacterium bovis</i> senX3	49.2	74.8	417	two-component system sensor histidine kinase

第1-17表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
454	3954	427172	427887	696	prf2404434B	<i>Mycobacterium bovis</i> BCG repX3	75.8	90.9	231	two-component response regulator
455	3955	428501	429439	879						
456	3956	432023	428438	2588	gp:SCE25_30	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2)	31.3	60.7	921	ABC transporter ATP-binding protein
457	3957	433028	432126	903	sp:YV21_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv RV3121	45.0	66.8	269	cytochrome P450
458	3958	433062	433888	927	prf2512277A	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> ppx	28.8	57.8	306	exopolyphosphatase
459	3959	434010	434822	813	sp:YV23_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv RV0497	28.8	57.3	302	hypothetical membrane protein
460	3960	434886	435695	810	sp:PROC_CORGL	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 17885 proC	100.0	100.0	269	pyroline-5-carboxylate reductase
461	3961	434988	433885	1122	prfD88733_1	<i>Equine herpesvirus 1</i> ORF71	25.4	52.0	394	membrane glycoprotein
462	3962	435940	438137	198	pir:S72921	<i>Mycobacterium leprae</i> B2189_C1_172	78.4	94.6	55	hypothetical protein
463	3963	436321	438103	219						
464	3964	436463	438561	89	gp:SCE88_25	<i>Streptomyces coelicolor</i> SCE88_25c	88.7	100.0	28	hypothetical protein
465	3965	436573	436784	192						
466	3966	437233	437850	618						
467	3967	438044	436880	1085	pir:S72914	<i>Mycobacterium leprae</i> MTCY2009_32C_sorB	51.0	77.4	298	phosphoserine phosphatase
468	3968	438179	438424	246	sp:YV35_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv RV0509	40.5	68.2	74	hypothetical protein
469	3969	438294	438037	258						
470	3970	438516	439804	1389	sp:HEMI_MYCLE	<i>Mycobacterium leprae</i> hemA	44.4	74.3	455	glutaryl-tRNA reductase
471	3971	439808	440814	908	pir:S72887	<i>Mycobacterium leprae</i> hem3b	50.7	75.3	308	hydroxymethylbiene synthase
472	3972	441250	441591	372						
473	3973	442482	441601	882	sp:CATM_ACICA	<i>Acinetobacter calcoaceticus</i> catM	27.1	57.6	321	cat operon transcriptional regulator
474	3974	442758	444158	1401	sp:SHIA_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 shiA	35.5	72.2	417	shikimate transport protein
475	3975	444185	446038	1854	sp:3SHD_NEUCR	<i>Neurospora crassa</i> qd4	28.2	57.9	309	3-dehydroshikimate dehydratase
476	3976	446538	447386	849	sp:AF124518_2	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ASO19_aroE	68.2	98.6	282	shikimate dehydrogenase
477	3977	447670	447398	273						
478	3978	449179	448130	1050	sp:POTQ_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 potG	34.7	68.6	363	putrescine transport protein
479	3979	449714	449100	615						
480	3980	450826	449183	1644	sp:SFUB_SERMA	<i>Serratia marcescens</i> stuB	25.1	55.2	578	iron(III)-transport system permease protein

第1-18 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッパ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致量 (aa)	機能
481	3981	450849	451961	1113						
482	3982	451895	450837	1059	sp:SHU15349.1	Brachyspira hyodysenteriae bNA	25.1	59.9	347	periplasmic-iron-binding protein
483	3983	452661	454430	1770	pir:S72909	Mycobacterium leprae cysG	48.5	71.8	486	uroporphyrin-III C-methyltransferase
484	3984	454460	454875	426						
485	3985	454867	455943	1017	sp:HEM2_STROO	Streptomyces coelicolor A3(2)	90.8	93.1	337	delta-aminolevulinic acid dehydratase
486	3986	456016	456597	582						
487	3987	456641	457150	510						
488	3988	457357	458600	2544	sp:CTPB_MYCLE	Mycobacterium leprae ctpB	27.4	56.5	858	cation-transporting P-type ATPase B
489	3989	458425	458583	843						
490	3990	460020	461093	1074	sp:DOUP_STROO	Streptomyces coelicolor A3(2)	55.0	76.7	364	uroporphyrinogen decarboxylase
491	3991	461112	462455	1344	sp:PPOX_BAGSU	Bacillus subtilis hemY	28.0	59.9	464	protoporphyrinogen IX oxidase
492	3992	462557	463867	1311	sp:QSA_MYCLE	Mycobacterium leprae hemL	81.7	83.5	425	glutamate-1-semialdehyde 2,1-aminomutase
493	3993	463867	464472	606	sp:PMG2_ECOLI	Escherichia coli K12 pmxB	28.0	82.7	161	phosphoglycerate mutase
494	3994	464482	465102	621	pir:A70545	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0528	44.7	71.2	208	hypothetical protein
495	3995	465116	465909	792	pir:B70545	Mycobacterium tuberculosis H37Rv csaA	53.5	85.3	245	cytochrome c-type biogenesis protein
496	3996	465949	467571	1623	pir:C70545	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0528	50.7	76.0	533	hypothetical membrane protein
497	3997	467648	468658	1011	pir:D70545	Mycobacterium tuberculosis H37Rv csaB	44.1	77.8	338	cytochrome c biogenesis protein
498	3998	468370	470170	801						
499	3999	470184	470654	471	pir:G70790	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3078c pb5	38.9	69.4	144	transcriptional regulator
500	4000	471013	470857	357	prf2420312A	Staphylococcus aureus zntR	31.1	72.2	90	Zn/Cu transport repressor
501	4001	471420	471121	300						
502	4002	471515	471847	333	pir:F70545	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0631	39.0	78.1	82	hypothetical membrane protein
503	4003	472808	471915	894	sp:MENA_ECOLI	Escherichia coli K12 menA	33.8	61.5	301	1,4-dihydroxy-2-naphthoate octaprenyltransferase
504	4004	472948	473811	864	sp:AF125164.6	Bacteroides fragilis wcbB	32.4	62.6	238	glycosyl transferase
505	4005	475136	473814	1323	prf2423270B	Rhizobium trifolii matB	25.4	51.5	421	malonyl-CoA-decarboxylase
506	4006	475407	474997	411	sp:YQJF_ECOLI	Escherichia coli K12 yqjF	35.3	65.5	139	hypothetical membrane protein
507	4007	477048	475489	1560	prf522612	Pseudomonas putida	50.4	76.0	520	ketoglutarate semialdehyde dehydrogenase
508	4008	477995	477046	946	sp:KGD P-SEPU	Pseudomonas putida KGDH	48.5	75.6	303	5-dehydro-4-deoxyglucuronate dehydratase

【0228】

【表19】

第1-10 表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
509	4009	47870	47892	879	sp:ALSR_BACSU	Bacillus subtilis 168 alsR	38.9	66.2	293	eis operon regulatory protein
510	4010	479303	479889	315	pir-B70547	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0543c	33.0	64.9	94	hypothetical protein
511	4011	480154	480587	444						
512	4012	480201	478452	750	gp:SP277295.9	Spingomonas sp. LB126 fldB	28.1	54.7	267	2-pyrone-4,6-dicarboxylic acid
513	4013	480624	480208	417						
514	4014	481001	480624	378						
515	4015	481381	481131	281						
518	4016	482688	481394	1275	pir-D70547	Mycobacterium tuberculosis H37Rv ptaA	60.0	83.2	410	low-affinity inorganic phosphate transporter
517	4017	483587	483366	222						
518	4018	483842	483837	306						
519	4019	485062	484108	957	sp:MENB_BACSU	Bacillus subtilis menB	48.5	70.3	293	naphthate synthase
520	4020	485384	485986	603	gp:AE001957.12	Deinococcus radiodurans DRI070	57.9	82.7	202	peptidase E
521	4021	485385	485077	309	pir-O70304	Aquifex aeolicus VF5 phhB	37.7	68.8	77	pterin-4s-carbinolamine dehydratase
522	4022	486001	487014	1014	pir-D70548	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0553 menC	54.0	78.7	335	mucronate cycloisomerase
523	4023	487028	488856	1829	sp:MEND_BACSU	Bacillus subtilis menD	29.4	54.0	606	2-oxoglutarate decarboxylase and 2-succinyl-6-hydroxy-2,4-cyclohexadiene-1-carboxylate synthase
524	4024	488660	489100	441	pir-Q70548	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0556	37.2	64.9	148	hypothetical membrane protein
525	4025	489209	490447	1239	pir-H70548	Mycobacterium tuberculosis H37Rv pimB	22.8	54.2	408	alpha-D-mannose-6-phosphate(1-6)-phosphatidyl myo-inositol monomannoside transferase
526	4026	490580	491938	1359	sp:CYCA_ECOLI	Escherichia coli K12 cysA	68.2	89.9	447	D-serine/D-alanine:glycine transporter
527	4027	491966	492855	890	sp:UBIE_ECOLI	Escherichia coli K12 ubiE	37.1	66.7	237	ubiquinol/menaquinone biosynthesis methyltransferase
528	4028	492915	493583	669						
529	4029	493916	492845	1272	pir-D70549	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0581c	49.0	76.7	412	oxidoreductase
530	4030	494061	495110	1050	sp:HEP2_BACST	Bacillus stearothermophilus ATCC 10149 hepT	39.2	67.1	316	heptaprenyl diphosphate synthase component II
531	4031	496810	497142	333	gp:AF130462.2	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 sacE	100.0	100.0	111	proprotein translocase SecE subunit
532	4032	497374	498327	954	gp:AF130462.3	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 nusG	100.0	100.0	318	transcriptional antiterminal protein
533	4033	498598	499032	435	gp:AF130462.4	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 rplK	100.0	100.0	145	50S ribosomal protein L11

[0229]

【表20】

第1-20表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
534	4034	499162	499868	708	gp:AF130482.5	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 rplA	100.0	100.0	238	50S ribosomal protein L1
535	4035	501436	499925	1512	gp:SC5H4.2	Streptomyces coelicolor SC5H4.02	23.1	50.2	564	regulatory protein
536	4036	501577	502920	1344	sp:GABT_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV2589 gbbT	60.5	82.4	443	4-aminobutyrate aminotransferase
537	4037	502825	504283	1359	sp:GA80_ECOLI	Escherichia coli K12 gbdD	40.8	71.8	461	succinate-semialdehyde dehydrogenase (NAD(P)+)
538	4038	503739	503272	468	GP-ABCAFRRA.2	Azospirillum brasilense carR	32.0	38.0	150	novel two-component regulatory system
539	4039	504379	505569	1191	sp:TYRP_ECOLI	Escherichia coli K12 o34187 tyrP	25.5	49.9	447	tyrosine-specific transport protein
540	4040	505698	507647	1950	sp:CTPQ_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV1992C ctpQ	33.2	64.4	615	cation-transporting ATPase G
541	4041	507869	509081	1413	sp:P49_STRLI	Streptomyces lividans P49	40.2	66.2	468	hypothetical protein or dehydrogenase
542	4042	509094	509696	603						
543	4043	509988	510510	513	sp:RL10_STRGR	Streptomyces griseus N2-3-11 rplJ	52.9	84.7	170	50S ribosomal protein L10
544	4044	510591	510574	384	sp:RL7_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV0682 rplL	72.3	89.2	130	50S ribosomal protein L7/L12
545	4045	511126	510989	138						
546	4046	511536	512507	972	pir-A70862	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV0227c	25.8	55.5	283	hypothetical membrane protein
547	4047	512913	516407	3495	sp:RPOB_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV0687 rpoB	75.4	90.4	1180	DNA-directed RNA polymerase beta chain
548	4048	516494	520492	3999	sp:RPOC_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV0688 rpoC	72.9	88.7	1332	DNA-directed RNA polymerase beta chain
549	4049	519277	518696	582	GP-AF121004.1	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Jv0168c	39.0	52.0	189	hypothetical protein
550	4050	520811	520850	180						
551	4051	520865	521644	780	gp:SCJ9A.15	Streptomyces coelicolor A3(2) SCJ9A.15c	39.2	63.8	232	DNA-binding protein
552	4052	522476	521079	798	sp:YT08_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV2908C	29.3	67.7	215	hypothetical protein
553	4053	522694	523059	368	sp:RS12_MYCIT	Mycobacterium intracellulare rpsL	90.9	97.5	121	30S ribosomal protein S12
554	4054	523069	523533	465	sp:RS7_MYCSM	Mycobacterium smegmatis LR222 rpsQ	81.8	94.8	154	30S ribosomal protein S7
555	4055	523896	526010	2115	sp:EFG_MIGLU	Micococcus luteus fusA	71.7	88.9	709	elongation factor G
556	4056	526070	523911	2160						
557	4057	526156	526013	144						

【0230】

【表21】

第1-21表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致性 (aa)	機能
558	4058	527121	526894	228	GSP-Y37841	Chlamydia trachomatis	56.0	78.0	44	lipoprotein
559	4059	527159	527807	153						
560	4060	528040	528768	729						
561	4061	529570	528779	792	sp:FEPC_ECOLI	Escherichia coli K12 fepC	56.2	83.7	258	ferric enterobactin transport ATP-binding protein
562	4062	530426	529592	1035	sp:FEPC_ECOLI	Escherichia coli K12 fepG	45.0	77.8	328	ferric enterobactin transport protein
563	4063	531782	530748	1035	sp:FEPC_ECOLI	Escherichia coli K12 fepD	48.1	80.8	335	ferric enterobactin transport protein
564	4064	532008	532523	516	sp:CTACTAGEN_1	Thermosaccharobacterium thermosaccharolyticum actA	58.8	79.3	145	butyryl-CoA:acetate coenzyme A transferase
565	4065	533099	533401	303	sp:RS10_PLARO	Planobispora rosea ATCC 53733 rpsJ	84.2	99.0	101	30S ribosomal protein S10
566	4066	533437	534090	654	sp:RL3_MYCBO	Mycobacterium bovis BCG rplC	66.6	89.8	212	50S ribosomal protein L3
567	4067	534087	533401	687						
568	4068	534080	534743	664	sp:RL4_MYCBO	Mycobacterium bovis BCG rplD	71.2	90.1	212	50S ribosomal protein L4
569	4069	534748	535048	303	sp:RL23_MYCBO	Mycobacterium bovis BCG rplW	74.0	90.8	88	50S ribosomal protein L23
570	4070	535072	534748	327						
571	4071	535078	535915	840	sp:RL2_MYCLE	Mycobacterium bovis BCG rplB	80.7	92.9	280	50S ribosomal protein L2
572	4072	535935	536210	276	sp:RS19_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0705 rpsS	87.0	98.9	82	30S ribosomal protein S19
573	4073	538183	535889	285						
574	4074	538217	538578	360	sp:RL22_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0708 rplV	74.3	91.7	108	50S ribosomal protein L22
575	4075	538579	537322	744	sp:RS3_MYCBO	Mycobacterium bovis BCG rpsC	77.4	91.2	239	30S ribosomal protein S3
576	4076	537328	537741	414	sp:RL18_MYCBO	Mycobacterium bovis BCG rplP	69.3	88.3	137	50S ribosomal protein L18
577	4077	537744	537971	228	sp:RL29_MYCBO	Mycobacterium bovis BCG rplM	65.7	88.1	87	50S ribosomal protein L29
578	4078	537977	538252	276	sp:RS17_MYCBO	Mycobacterium bovis BCG rpsQ	69.5	89.0	82	30S ribosomal protein S17
579	4079	538267	537874	284						
580	4080	538898	538381	318						
581	4081	539413	538718	696						
582	4082	539741	540106	366	sp:RL14_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0714 rplN	83.0	95.1	122	50S ribosomal protein L14
583	4083	540112	540423	312	sp:RL24_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0715 rplX	78.2	91.4	105	50S ribosomal protein L24
584	4084	540426	540988	573	sp:RL5_MIGLU	Micrococcus luteus rplE	73.6	92.3	183	50S ribosomal protein L5
585	4085	541048	542078	1032						
586	4086	542896	542080	807	sp:2DKG_CORSP	Corynebacterium sp.	52.3	74.2	260	2,5-diketo-D-glucuric acid reductase
587	4087	543412	542921	492						
588	4088	544329	543415	915	sp:FDHD_WOLSU	Wainella succinogenes fhdD	28.9	59.7	298	formate dehydrogenase chain D

【表22】

第1-22 表

配列番号 (順番)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
589	4089	544670	544335	336	gp:SCGD3_29	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2)	37.2	88.1	94	mylbdopterin-guanine dinucleotide
590	4090	544889	544767	2133	gp:FDHF_ECOLI	<i>Streptococcus coelicolor</i> A3(2)	24.3	53.4	768	biosynthesis protein
591	4091	547329	548084	756		<i>Escherichia coli</i> (Hfr)				formate dehydrogenase H or alpha chain
592	4092	548990	548187	804						
593	4093	550661	548980	1682	sp:YC81_MYGTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv1281c oppD	28.9	52.6	624	ABC transporter ATP-binding protein
594	4094	551844	550898	1146						
595	4095	552927	551854	1074						
596	4096	554129	552948	1182	pir:E69424	<i>Archaeoglobus fulgidus</i> AF1398	24.7	50.4	405	hypothetical protein
597	4097	554919	554452	468	pr:AE001931_13	<i>Deinococcus radiodurans</i> DR0763	42.7	68.7	150	hypothetical protein
598	4098	555331	555726	396	pr:S29885	<i>Micrococcus luteus</i>	75.8	97.7	132	30S ribosomal protein S8
599	4099	555749	556282	534	pir:S29886	<i>Micrococcus luteus</i>	59.2	87.7	179	30S ribosomal protein L8
600	4100	556289	556890	402	sp:RL18_MICLU	<i>Micrococcus luteus</i> rplR	67.3	90.9	110	90S ribosomal protein L18
601	4101	556734	557368	633	sp:RS5_MICLU	<i>Micrococcus luteus</i> rpsE	67.8	88.3	171	30S ribosomal protein S5
602	4102	557373	557555	183	sp:RL30_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 rpmJ	54.6	78.4	56	50S ribosomal protein L30
603	4103	557565	558008	444	sp:RL15_MICLU	<i>Micrococcus luteus</i> rplO	68.4	87.4	143	50S ribosomal protein L15
604	4104	557588	558860	729						
605	4105	558617	558197	321	pr:2204281A	<i>Streptomyces coelicolor</i> msdA	48.9	89.8	128	methylmalonic acid semialdehyde dehydrogenase
606	4106	558969	558807	363						
607	4107	559805	560260	456	GP-ABCARRA_2	<i>Azospirillum brasilense</i> carR	47.0	52.0	125	novel two-component regulatory system
608	4108	560634	560144	491	pr:2516398E	<i>Rhodococcus rhodochrous</i> plasmid pR11.1 orf6	41.7	71.5	487	aldehyde dehydrogenase or betaine aldehyde dehydrogenase
609	4109	561368	560834	735						
610	4110	562632	562337	306						
611	4111	562833	561388	1266	pr:2411257B	<i>Sphingomonas</i> sp. redA2	41.1	71.6	408	reductase
612	4112	562963	562846	318	pr:2313248B	<i>Rhodococcus capsulatus</i> fdaE	47.7	68.4	107	2Fe2S ferredoxin
613	4113	563736	562993	744	pr:PPU24215_2	<i>Pseudomonas putida</i> cymB	35.8	70.8	257	p-coumaric alcohol dehydrogenase
614	4114	563871	564083	213	PIR:H72754	<i>Aeropyrum pernix</i> K1 APE0029	50.0	56.0	50	hypothetical protein
615	4115	565471	563732	1740	pir-JC4176	<i>Pyrococcus furiosus</i> Vc1 DSM 3638 ppsA	22.9	45.0	629	phosphoenolpyruvate synthetase
616	4116	566759	565980	1080	pir-JC4176	<i>Pyrococcus furiosus</i> Vc1 DSM 3638 ppsA	38.6	68.7	378	phosphoenolpyruvate synthetase
617	4117	568088	568799	1290	pr:2104333Q	<i>Rhodococcus erythropolis</i> theB	34.8	65.2	422	cytochrome P450
618	4118	569075	568272	804	pr:2512309A	<i>Erwinia carotovora</i> carotovora ldgR	28.5	66.0	258	transcriptional repressor
619	4119	570774	571316	543	sp:KAD_MICLU	<i>Micrococcus luteus</i> adk	48.8	81.0	184	adenylate kinase

【0232】

【表23】

第1-23 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	ホムナツ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
620	4120	571367	570756	612	sp:AMPM_BAGSU	Bacillus subtilis 168 map	43.1	74.7	253	methionine aminopeptidase
621	4121	571478	572267	782	sp:AMPM_BAGSU	Bacillus subtilis 168 map	43.1	74.7	253	methionine aminopeptidase
622	4122	572349	573178	828	picF69644	Bacillus subtilis infA	77.0	88.0	72	translation initiation factor IF-1
623	4123	573407	573822	216	picF69644	Bacillus subtilis infA	77.0	88.0	72	translation initiation factor IF-1
624	4124	573816	574181	366	picF69644	Bacillus subtilis infA	77.0	88.0	72	translation initiation factor IF-1
625	4125	574187	574588	402	sp:RS11_STRCO	Streptomyces coelicolor A3(2)	81.3	93.3	134	30S ribosomal protein S11
626	4126	574615	575217	603	picF69644	Bacillus subtilis infA	77.0	88.0	72	translation initiation factor IF-1
627	4127	575328	576351	1014	sp:RPOA_BAGSU	Bacillus subtilis 168 map	43.1	74.7	253	methionine aminopeptidase
628	4128	575368	575211	156	sp:RPOA_BAGSU	Bacillus subtilis 168 map	43.1	74.7	253	methionine aminopeptidase
629	4129	576410	576898	489	sp:RL17_ECOLI	Escherichia coli K12 rplQ	51.6	77.1	122	50S ribosomal protein L17
630	4130	577057	577923	867	sp:TRUA_ECOLI	Escherichia coli K12 trnA	37.0	81.1	265	pseudouridylate synthase A
631	4131	578033	580429	2397	picF69644	Bacillus subtilis infA	77.0	88.0	72	translation initiation factor IF-1
632	4132	580891	580436	466	picF69644	Bacillus subtilis infA	77.0	88.0	72	translation initiation factor IF-1
633	4133	581221	580919	303	picF69644	Bacillus subtilis infA	77.0	88.0	72	translation initiation factor IF-1
634	4134	581406	582062	1257	picF69644	Bacillus subtilis infA	77.0	88.0	72	translation initiation factor IF-1
635	4135	582684	584228	1545	sp:DM_ARATH	Arabidopsis thaliana CY DM	22.8	50.9	505	cell elongation protein
636	4136	584268	585620	1353	sp:OFA_ECOLI	Escherichia coli K12 ofa	30.7	56.0	423	cyclopropane-fatty-acyl-phospholipid synthase
637	4137	585823	586248	426	sp:SCL2_30	Streptomyces coelicolor A3(2)	28.0	59.0	100	hypothetical membrane protein
638	4138	587757	586399	1359	sp:ELYA_BACAO	Bacillus alcalophilus	31.3	58.0	273	high-alkaline serine proteinase
639	4139	589015	587645	1371	picF69644	Bacillus subtilis infA	77.0	88.0	72	translation initiation factor IF-1
640	4140	589298	592862	3567	picF69644	Bacillus subtilis infA	77.0	88.0	72	translation initiation factor IF-1
641	4141	590411	589590	822	sp:ELYA_BACAO	Bacillus alcalophilus	31.3	58.0	273	high-alkaline serine proteinase
642	4142	590360	589838	663	picF69644	Bacillus subtilis infA	77.0	88.0	72	translation initiation factor IF-1
643	4143	592862	593761	900	picF69644	Bacillus subtilis infA	77.0	88.0	72	translation initiation factor IF-1
644	4144	593935	594258	324	picF69644	Bacillus subtilis infA	77.0	88.0	72	translation initiation factor IF-1
645	4145	594293	594580	288	picF69644	Bacillus subtilis infA	77.0	88.0	72	translation initiation factor IF-1
646	4146	594939	595379	441	sp:RL13_STRCO	Streptomyces coelicolor A3(2)	58.6	82.1	145	50S ribosomal protein L13

【0233】

【表24】

第1-24表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致数 (aa)	機能
647	4147	595382	595927	546	sp:RS9_STRCO	Streptomyces coelicolor A3(2) SC6G4.13_rps1	49.2	72.4	181	30S ribosomal protein S9
648	4148	596109	597449	1341	prf:2320280A	Staphylococcus aureus fomF015	48.9	76.4	450	phosphoglucosaminase
649	4149	597892	598194	303	pir:S75138	Synechocystis sp. PCC6803 sfr1753	29.3	45.8	318	hypothetical protein
650	4150	598184	599702	1509						
651	4151	599350	598778	529						
652	4152	599699	599932	234						
653	4153	600878	600022	855	pir:S73000	Mycobacterium leprae B229.F1.20	44.0	72.2	259	hypothetical protein
654	4154	600971	602053	1083	sp:ALR_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV3423C_alr	41.6	68.5	368	alanine racemase
655	4155	602080	602574	495	sp:Y097_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV3422c	48.7	78.6	154	hypothetical protein
656	4156	602811	604409	1598	sp:YDE_ECOLI	Escherichia coli K12 yide	28.9	68.2	550	hypothetical membrane protein
657	4157	604470	605708	1239	sp:PSJ00161.1	Propionibacterium shermanii pip	51.3	77.6	411	proline iminopeptidase
658	4158	605718	606392	675	sp:Y088_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV3421c	52.2	75.4	207	hypothetical protein
659	4159	606392	606898	507	sp:RML_ECOLI	Escherichia coli K12 rml	30.3	59.9	132	ribosomal-protein-alanine N- acetyltransferase
660	4160	606905	607936	1032	sp:QCP_PASHA	Pasteurella haemolytica SEROTYPE A1_g99	46.1	75.2	319	O-sialoglycoprotein endopeptidase
661	4161	607958	609079	1722	sp:Y115_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV3433c	38.4	59.4	571	hypothetical protein
662	4162	609747	610175	428						
663	4163	610288	609816	453						
664	4164	610348	610844	297	sp:CH10_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV3418C_mogB	76.0	94.0	100	heat shock protein groES
665	4165	610859	612272	1614	sp:CH61_MYCLE	Mycobacterium leprae B229.C3.248_groE1	63.3	85.1	537	heat shock protein groEL
666	4166	611200	610948	255	GP-MSGTOWPA_1	Mycobacterium tuberculosis	50.0	56.0	76	hypothetical protein
667	4167	612266	611109	1158	GP-MSGTOWPA_3	Mycobacterium tuberculosis	34.0	45.0	138	hypothetical protein
668	4168	612714	612418	297	sp:AF073300.1	Mycobacterium smegmatis whiB3	64.9	88.3	94	regulatory protein
669	4169	613168	613719	584	sp:Y08F_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV3414c_sigD	55.2	81.6	174	RNA polymerase sigma factor
670	4170	613722	614747	1028						

【表25】

第1-25 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
671	4171	615180	614803	378	sp:Y09H_MYCLE	Mycobacterium leprae B1620.F3.131	41.4	69.8	116	hypothetical protein
672	4172	615336	616853	1518	sp:AB003154.1	Corynebacterium ammoniagenes ATCC 8872 guaB	80.8	93.9	504	IMP dehydrogenase
673	4173	616231	615805	827	PIRF71456	Pyrococcus horikoshii PH0308	39.0	53.0	148	hypothetical protein
674	4174	616973	616094	1122	sp:AB003154.2	Corynebacterium ammoniagenes ATCC 8872	70.9	86.1	381	IMP dehydrogenase
675	4175	616013	618093	921	sp:YBIF_ECOLI	Escherichia coli K12 ybif	38.0	67.5	274	hypothetical membrane protein
676	4176	619086	619994	909	PIRF1516239A	Bacillus subtilis gltC	29.0	58.4	282	glutamate synthetase positive regulator
677	4177	620004	621572	1568	sp:GUAA_CORAM	Corynebacterium ammoniagenes guaA	81.6	92.8	517	GMP synthetase
678	4178	620926	620264	663						
679	4179	621717	622157	441						
680	4180	622269	622457	189						
681	4181	623635	622480	1176	sp:SQD63.32	Streptomyces coelicolor A3(2)	20.5	39.6	513	hypothetical membrane protein
682	4182	623800	624639	1140	sp:SC6E10.15	Streptomyces coelicolor A3(2) SC6E10.15c	26.8	48.7	411	two-component system sensor histidine kinase
683	4183	624985	625674	690	sp:DEQU_BACSU	Bacillus subtilis 168 degU	33.5	65.1	218	transcriptional regulator or extracellular proteinase response regulator
684	4184	625677	626000	324						
685	4185	626558	626070	488						
686	4186	627533	628577	963						
687	4187	627727	628551	825	pi:B70975	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV3396c	30.9	64.2	201	hypothetical protein
688	4188	628551	630140	1590	pi:A70975	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV3394c	37.5	64.1	563	hypothetical protein
689	4189	630810	630151	660						
690	4190	630949	631809	861	sp:SC5B8.20	Streptomyces coelicolor A3(2) SC5B8.20c	33.8	62.9	275	hypothetical protein
691	4191	632684	631824	861	sp:AE001935.7	Deinococcus radiodurans DR0809	27.8	58.3	288	hypothetical membrane protein
692	4192	633078	632690	390						
693	4193	633474	633079	395	sp:MMU02076.3	Mycobacterium marinum	38.8	67.4	95	hypothetical membrane protein
694	4194	635175	633532	1644	sp:AF139918.3	Brevibacterium linens ATCC 8175 crtI	50.4	78.2	524	phytoene desaturase
695	4195	636089	635178	912	sp:AF139918.2	Brevibacterium linens ATCC 8175 crtB	42.0	71.2	288	phytoene synthase
696	4196	636278	636089	2190	sp:SCF43A.29	Streptomyces coelicolor A3(2) SCF43A.29c	48.6	75.6	722	transmembrane transport protein

【0235】

【表26】

第1-26 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
697	4197	639482	638317	1146	gp:AF139916.11	Brevibacterium linens crtE	32.7	83.8	367	seranylgeranyl pyrophosphate (GGPP) synthase
698	4198	639624	640208	585	gp:AF139916.14	Brevibacterium linens	38.3	68.1	188	transcriptional regulator (MarR family)
699	4199	640876	640232	648	gp:BLC_CIFR	Citrobacter freundii bic OS60 bic	33.1	82.1	145	outer membrane lipoprotein
700	4200	641133	642557	1425	gp:AF139916.1	Brevibacterium linens	48.7	74.2	482	hypothetical protein
701	4201	643959	642558	1404	gp:AF139916.5	Brevibacterium linens ATCC 9175 cpd1	40.0	83.2	497	DNA photolyase
702	4202	644028	644778	753	gp:AF155804.7	Streptococcus suis cps1K	25.9	53.7	205	glycosyl transferase
703	4203	647590	645178	2415	gp:SCE25.30	Streptomyces coelicolor A3(2) SCE25.30	24.3	54.9	897	ABC transporter
704	4204	648309	647593	717	prf:2420410P	Bacillus subtilis 168 yroO	35.4	72.2	223	ABC transporter
705	4205	648487	648315	153						
706	4206	649105	648440	666	prf:2320284D	Haemobacter pylori abcD	35.9	75.2	206	ABC transporter
707	4207	649342	650187	846						
708	4208	650193	649114	1080	sp:ABC_ECOLI	Escherichia coli TAP80 abc	43.6	75.4	348	ABC transporter
709	4209	651288	650392	897	sp:HLPA_HAEN	Haemophilus influenzae SERO TYPE B hlaA	28.7	67.2	268	lipoprotein
710	4210	651601	654612	3012	prf:2517386A	Thermus aquaticus dnaE	30.2	57.5	1101	DNA polymerase III
711	4211	654676	655122	447	gp:SCE128.11	Streptomyces coelicolor A3(2) SCE126.11	41.5	62.3	150	hypothetical protein
712	4212	655122	656534	1413	gp:SCE9.1	Streptomyces coelicolor A3(2) SCE9.01	28.1	56.0	468	hypothetical membrane protein
713	4213	655834	655097	738						
714	4214	656547	657215	669	pir:C70884	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2788 virR	50.3	78.4	203	transcriptional repressor
715	4215	658002	657205	798	gp:SCG8A.5	Streptomyces coelicolor A3(2) SCG8A.05c	34.9	61.7	264	hypothetical protein
716	4216	658005	658142	138						
717	4217	658155	658028	774	pir:C69459	Aschaeglobus fulgidus AF1678	42.5	71.8	245	transcriptional regulator (Sir2 family)
718	4218	658933	659424	492	gp:SC5H1.34	Streptomyces coelicolor A3(2) SC5H1.34	45.2	78.3	157	hypothetical protein
719	4219	659543	660538	996	gp:CDU02617.1	Corynebacterium diphtheriae irp1	31.1	62.2	357	iron-regulated lipoprotein precursor
720	4220	661120	660650	471	pir:E70971	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3386 spoJ	82.9	88.1	151	rRNA methylase
721	4221	661168	662017	852	pir:C70970	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3356c fadD	70.9	87.4	278	methyltetrahydrofolate dehydrogenase
722	4222	662120	662374	255	gp:MLCB1779.8	Mycobacterium leprae MLCB1779.16c	31.3	76.3	80	hypothetical membrane protein

第1-27表

配列番号 (株番)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
723	4223	663781	662382	1380	gp:SC08T3_18	Streptomyces coelicolor A3(2) SC08T3_18c	34.0	63.2	489	hypothetical protein
724	4224	665088	664126	863						
725	4225	666313	665183	1131	gp:AF052852_1	Corynebacterium glutamicum metA	99.5	99.5	379	homoserine O-acetyltransferase
726	4226	667770	666460	1311	prf:2317335A	Leptospira meyeri metY	49.7	76.2	429	O-acetylhomoserine sulfhydrylase
727	4227	668284	670465	2202	sp:GSTA.ECOLI	Escherichia coli K12 csta	53.9	78.4	590	carbon starvation protein
728	4228	670053	669445	609						
729	4229	670472	670672	201	sp:YJIX.ECOLI	Escherichia coli K12 yjix	40.0	66.0	50	hypothetical protein
730	4230	671653	671045	609						
731	4231	671700	672653	954	pir:C70539	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1130	71.0	86.4	317	hypothetical protein
732	4232	672665	673576	912	prf:1902224A	Streptomyces hygroscopicus ATCC 607 gba	41.6	76.2	281	carboxy phosphoenolpyruvate mutase
733	4233	673608	674756	1149	sp:ClSY_MYCSM	Mycobacterium smegmatis ATCC 607 gba	56.1	81.3	380	citrate synthase
734	4234	673639	672710	930						
735	4235	674980	674789	182	sp:YNEC.ECOLI	Escherichia coli K12 yneC	34.0	62.3	53	hypothetical protein
736	4236	675175	675846	672						
737	4237	676122	675082	1041	sp:MDH_METFE	Methanothermobacter ferrireducens V24S mdh	37.6	67.5	338	L-malate dehydrogenase
738	4238	676937	676218	720	prf:2514353L	Bacillus stearothermophilus T-6 luxuR	26.1	62.8	226	regulatory protein
739	4239	677748	677047	702						
740	4240	681027	680131	897	sp:YJUB_VIBOH	Vibrio cholerae OGAWA 395 vibB ipr1D	25.4	54.2	284	vibriobactin utilization protein
741	4241	681846	681040	807	gp:AF176902_3	Corynebacterium diphtheriae ipr1C	55.4	85.1	269	ABC transporter ATP-binding protein
742	4242	682904	681846	1059	gp:AF176902_2	Corynebacterium diphtheriae ipr1C	56.3	86.4	339	ABC transporter
743	4243	683966	682871	996	gp:AF176902_1	Corynebacterium diphtheriae ipr1B	63.0	88.2	330	ABC transporter
744	4244	684925	683876	1050	gp:CDU02817_1	Corynebacterium diphtheriae ipr1	53.1	82.3	356	iron-regulated lipoprotein precursor
745	4245	685109	686380	1272	prf:2202282A	Streptomyces venezuelae cmv	32.2	69.6	396	chloramphenicol resistance protein
746	4246	686436	687346	912	prf:2222220B	Pseudomonas aeruginosa arc	30.4	58.1	303	metabolic repression control protein
747	4247	687351	688007	657	sp:YJCO_HAEIN	Haemophilus influenzae Rd H1240	58.2	85.8	219	hypothetical protein
748	4248	688141	688335	195						
749	4249	688890	688918	975						
750	4250	690896	689917	760	gp:AF109162_3	Corynebacterium diphtheriae trnauV	45.1	73.8	244	ferrichrome ABC transporter

【0237】

【表28】

第1-28表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致量 (aa)	機能
751	4251	691722	690708	1017	pir:S54438	<i>Yersinia enterocolica</i> hemU	38.7	69.1	346	hemin permease
752	4252	691882	692916	1035	sp:SYW.ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 trpS	54.4	79.8	331	tryptophanyl-tRNA synthetase
753	4253	693028	694110	1083	sp:YHJD.ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 YHD	37.1	72.3	278	hypothetical protein
754	4254	694172	695074	903						
755	4255	695213	695077	1137	sp:DACD.SALTY	<i>Salmonella typhimurium</i> LT2 dacD	30.9	57.5	301	penicillin-binding protein 6B precursor
756	4256	697995	698789	1227	pir:F70842	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv3311	34.1	70.7	417	hypothetical protein
757	4257	698922	698065	858	sp:SC6G10.8	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2)	29.4	52.8	323	hypothetical protein
758	4258	699072	699266	195						
759	4259	699272	698922	351						
760	4260	699281	698913	633	sp:UUP.LAGLA	<i>Lactococcus lactis</i> upp	48.4	72.3	209	uracil phosphoribosyltransferase
761	4261	699998	700381	384	sp:SC1A2.11	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2)	41.6	66.2	77	bacterial regulatory protein, lacI family
762	4262	702081	703262	1182	pir:H70841	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv3305c amA	51.4	80.5	385	N-acetyl-L-amino acid amidohydrolase or peptidase
763	4263	702108	700384	1725	sp:MANB.MYCPI	<i>Mycoplasma pirum</i> BER manB	22.1	53.8	561	phosphomannomutase
764	4264	703405	704811	1407	sp:DLDH.JHALVO	<i>Halobacterium volcanii</i> ATCC 29605 jpd	31.0	65.0	468	dihydroiponide dehydrogenase
765	4265	705211	708630	3420	prf:2415454A	<i>Corynebacterium glutamicum</i> strain D1253 pyc	100.0	100.0	1140	pyruvate carboxylase
766	4266	708839	709708	870	sp:YD24.MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv1324	26.2	60.1	263	hypothetical protein
767	4267	709783	710278	488	sp:SCF11.30	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2)	30.7	68.9	127	hypothetical protein
768	4268	711605	710520	1086	pir:B59760	<i>Bacillus subtilis</i> 168 yelC	44.6	69.0	381	hypothetical protein
769	4269	711724	712847	924	sp:TRXB.BACSJ	<i>Bacillus subtilis</i> 1558 trxB	24.6	59.3	305	thioredoxin reductase
770	4270	712736	714231	1494	sp:PRPD.SALTY	<i>Salmonella typhimurium</i> LT2 prpD	24.0	49.5	521	PrpD protein for propanoate catabolism
771	4271	714268	715145	888	prf:1802224A	<i>Streptomyces hygroscopicus</i>	42.5	74.5	278	carboxy phosphoenolpyruvate mutase
772	4272	714757	714380	378	PIRE72728	<i>Aeropyrum pernix</i> K1 APE0223	39.0	47.0	96	hypothetical protein
773	4273	715102	716283	1182	sp:CISY.MYCSM	<i>Mycobacterium smegmatis</i> ATCC 807 gHA	54.6	78.9	383	citrate synthase
774	4274	716860	716288	375						
775	4275	718008	716887	1323	pir:B70539	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv1129c	40.8	72.8	456	hypothetical protein
776	4276	718105	718350	246						
777	4277	718858	720018	1359						

[0238]

[表29]

第1-29 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	データベース	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致率 (aa)	機能
778	4278	721449	720547	903	sp:THTR_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 tnr	100.0	100.0	225	thiosulfate sulfurtransferase
779	4279	721777	722841	1065	sp:GJ1168X1_62	Campylobacter jejuni C0069	81.1	78.8	352	hypothetical protein
780	4280	723338	722925	414	sp:MLCB4_18	Mycobacterium lepre MLCB4.27c	51.1	76.7	133	hypothetical protein
781	4281	723412	725559	2148	pir:G70538	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1585c	35.1	63.4	718	hypothetical membrane protein
782	4282	728462	725872	561	sp:YCEE_ECOLI	Escherichia coli K12 yeeF	31.8	65.2	182	hypothetical protein
783	4283	728715	728470	248	prf:2323383DF	Mycobacterium lepre B1308-C3- 211	33.3	69.8	63	hypothetical protein
784	4284	728952	728742	1811	sp:AB018531_2	Corynebacterium glutamicum AJ11060 dtr2	98.8	100.0	537	detergent sensitivity rescuer or carboxyl transferase
785	4285	730324	728696	1829	pir:JC4991	Corynebacterium glutamicum AJ11060 dtrR1	99.6	100.0	543	detergent sensitivity rescuer or carboxyl transferase
786	4286	730436	731299	864	sp:BIRA_ECOLI	Escherichia coli K12 birA	28.7	61.8	283	bifunctional protein (biotin synthesis repressor and biotin acetyl-CoA carboxylase ligase)
787	4287	731312	731797	486	pir:G70979	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3278c	23.0	58.8	165	hypothetical membrane protein
788	4288	731857	733017	1161	sp:PURK_CORAM	Corynebacterium ammoniagenes ATCC 6872 purK	89.0	83.8	394	5'-phosphoribosyl-5-amino-4-imidasol carboxylase
789	4289	733072	734943	1872	sp:KUP_ECOLI	Escherichia coli K12 kup	41.1	73.8	828	K ⁺ -uptake protein
790	4290	733797	733183	615						
791	4291	734984	735340	357						
792	4292	735402	735896	495	sp:PUR6_CORAM	Corynebacterium ammoniagenes ATCC 6872 purE	85.7	93.2	147	5'-phosphoribosyl-5-amino-4-imidasol carboxylase
793	4293	735898	736351	453	sp:APU33059_5	Actinosynnema pretiosum	38.2	60.5	152	hypothetical protein
794	4294	736413	737204	792	sp:SCF43A_38	Streptomyces coelicolor A3(2) SCF43A.36	42.8	70.6	255	hypothetical protein
795	4295	738529	737216	1314	sp:NTAA_CHEHE	Chalocobacter heintzi ATCC 29600 ntaA	43.2	73.0	428	nitrilacetate monoxygenase
796	4296	740172	738673	1500	pir:A69426	Archaeoglobus fulgidus	23.4	52.5	303	transposase (ISA0883-S)
797	4297	741018	740228	789	sp:DHG2_BACME	Bacillus megaterium IAM 1030 gdhJ	31.3	64.8	256	glucose 1-dehydrogenase
798	4298	741397	741765	389	pir:A72258	Thermotoga maritima MS86 TM1408	28.2	68.8	98	hypothetical membrane protein
799	4299	741854	742185	342						
800	4300	742384	741818	567	sp:YWJB_BAGSU	Bacillus subtilis 168 ywB	28.6	69.3	175	hypothetical protein

【0239】

【表30】

第1-30表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
801	4301	742406	742828	420	gp:SCJ9A.21	Streptomyces coelicolor A3(2) SCJ9A.21	35.9	70.8	142	hypothetical protein
802	4302	743052	742831	222						
803	4303	743900	743067	834	prf:2406355C	Thermococcus litoralis malG	42.4	75.3	271	trehalose/maltose-binding protein
804	4304	744931	743900	1032	prf:2406355B	Thermococcus litoralis malF	37.3	70.3	306	trehalose/maltose-binding protein
805	4305	745513	745044	468						
806	4306	748893	745822	1272	prf:2406355A	Thermococcus litoralis malE	30.9	82.4	417	trehalose/maltose-binding protein
807	4307	748020	748442	423						
808	4308	748026	747031	996	prf:2308356A	Streptomyces reticuli msIK	57.2	73.9	332	ABC transporter ATP-binding protein (ABC-type sugar transport protein) or cellulose/maltose transport protein
809	4309	748448	748814	366						
810	4310	753865	748886	4800	pir:B76633	Dainococcus radiodurans RI DRB0135	25.1	49.9	1783	RNA helicase
811	4311	757063	757434	372						
812	4312	757395	753897	3699						
813	4313	758282	757630	633	pir:E70978	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3268	31.7	59.2	240	hypothetical protein
814	4314	760786	758384	2433	pir:C71929	Helicobacter pylori J99 Jhp0462	30.0	82.5	720	hypothetical protein
815	4315	762468	760906	1563	sp:UVRD_ECOLI	Escherichia coli K12 uvrD	20.7	41.1	701	DNA helicase II
816	4316	762467	762853	357						
817	4317	762730	763122	393						
818	4318	762977	762582	396						
819	4319	768191	767367	826						
820	4320	769443	763237	6207	pir:T36671	Streptomyces coelicolor SCH5.13 pNRG100 H1130	22.4	45.8	2033	RNA helicase
821	4321	774142	768447	4596	pir:T08313	Helobacterium sp. NRG-1 plasmid pNRG100 H1130	24.4	53.2	698	hypothetical protein
822	4322	777036	774160	2886	sp:HEPA_ECOLI	Escherichia coli K12 hepA	23.1	48.6	873	RNA polymerase associated protein (ATP- dependent helicase)
823	4323	778711	777158	1554	pir:D70978	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3267	45.5	71.4	527	hypothetical protein
824	4324	778014	779910	897	gp:AF187550.1	Mycobacterium smagmatidis moz155 wbbL	58.4	77.9	289	dTDP-Rhaa-D-GlcNAc-diphosphoryl polyphosphatase
825	4325	780128	781171	1044	sp:MPG1_YEAST	Saccharomyces cerevisiae YDL055C MPG1	29.8	68.9	353	mannose-1-phosphate guanylyltransferase
826	4326	781468	781875	408	gp:AF164420.1	Mycobacterium smagmatidis whmD	73.4	81.9	94	regulatory protein
827	4327	782817	782162	456	pir:B70847	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3259	48.9	74.8	139	hypothetical protein

第1-31 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	ドマツチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致数 (aa)	機能
828	4328	782712	783101	390	sp:SOE34_11	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2)	51.5	71.3	136	hypothetical protein
829	4329	783184	784557	1374	sp:MANB_SALMO	SCE34.11c	38.0	60.3	480	phosphomannomutase
830	4330	784635	785639	1005	pir:B70594	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv3258c	31.2	56.3	327	hypothetical protein
831	4331	785643	786824	1182	sp:MANA_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 manA	36.8	66.2	420	mannose-6-phosphate isomerase
832	4332	786898	787045	150						
833	4333	787624	787883	360						
834	4334	787733	787770	564	prf:1804279K	<i>Enterococcus faecalis</i> plasmid pCF10 pRG	35.6	57.8	180	pheromone-responsive protein
835	4335	788186	788548	361						
836	4336	788672	789093	1422	sp:SAHH_TRIVA	<i>Trichomonas vaginalis</i> WAA38	59.0	83.0	476	S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase
837	4337	789426	789719	708						
838	4338	789721	789902	720						
839	4339	790098	790704	609	sp:KTHY_ARCFU	<i>Archaeoglobus fulgidus</i> VC-16 AF0081	25.6	59.0	209	thymidylate kinase
840	4340	790732	791409	678	prf:2214304A	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv3248c mtrA	73.7	90.6	224	two-component system response regulator
841	4341	791421	790738	684						
842	4342	791512	793008	1497	prf:2214304B	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv3245a mtrB	53.1	78.9	484	two-component system sensor histidine kinase
843	4343	793008	794711	1704	pir:F70592	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv3244c lpdB	29.6	65.6	595	lipoprotein
844	4344	794714	795301	588	pir:D70592	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv3242c	38.0	72.8	213	hypothetical protein
845	4345	795447	795292	156						
846	4346	795448	796110	663	sp:RR30_SPIOI	<i>Spirulina oleracea</i> CV rps22	34.5	61.6	203	30S ribosomal protein or chloroplast precursor
847	4347	796250	798784	2535	gap:R74093	<i>Brevibacterium flavum</i> (<i>Corynebacterium glutamicum</i>) MJ-233 secA	99.1	99.6	845	preprotein translocase SecA subunit
848	4348	799020	799891	872						
849	4349	799897	800200	504	pir:A70591	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv3231c	47.1	78.8	170	hypothetical protein
850	4350	801194	800208	987	pir:F70590	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv3228	64.6	82.9	322	hypothetical protein
851	4351	802602	801190	1413	gp:AF114233_1	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ASO18 araA	99.0	99.0	461	S-adenosyl-L-homocysteine 3-phosphate synthase

第1-32表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
852	4352	802649	803128	480	pirD70590	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3229c	36.3	83.9	180	hypothetical protein
853	4353	802687	802586	123	GP-AF114233.1	Corynebacterium glutamicum	100.0	100.0	23	5-endoruvylchikimate 3-phospho synthase
854	4354	804240	803131	1110	pirG70506	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0336	21.6	42.4	380	hypothetical protein
855	4355	804408	805025	618	prf2515333D	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3219 whiB1	61.2	87.2	188	RNA polymerase sigma factor
856	4356	805792	805535	258	pirD70598	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3217c	78.6	96.4	84	regulatory protein
857	4357	806318	806737	420	pirB70598	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3212	33.3	65.1	129	hypothetical protein
858	4358	807839	808740	1200	pirE70595	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3201c	29.6	62.2	415	hypothetical protein
859	4359	809217	807948	1272	sp:DEAD_KLEPN	Klebsiella pneumoniae CG43 deqd	37.3	64.0	438	DEAD box ATP-dependent RNA helicase
860	4360	809288	809510	225						
861	4361	809549	810384	846	pirH70594	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3207c	48.4	69.8	291	hypothetical protein
862	4362	810405	811163	759	pirF70594	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3205c	37.0	65.9	249	hypothetical protein
863	4363	811170	814217	3048	pirG70951	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3201c	23.9	48.9	1155	ATP-dependent DNA helicase
864	4364	812185	811388	780						
865	4365	814204	817422	3219	pirG70951	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3201c	41.4	65.7	1126	ATP-dependent DNA helicase
866	4366	815541	814210	1332						
867	4367	817519	818523	1005	sp:Y13B_METJA	Methanococcus jannaschii JAL-1 MJ0138.1	26.2	64.2	302	potassium channel
868	4368	818523	819236	714	pirE70951	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3199c	30.4	58.3	230	hypothetical protein
869	4369	819254	821287	2034	sp:UVRD_ECOLI	Escherichia coli K12 uvrD	32.6	59.8	680	DNA helicase II
870	4370	822078	822869	591						
871	4371	822105	821290	816	pirB70951	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3198	26.8	49.3	280	hypothetical protein
872	4372	822789	823391	603						
873	4373	824125	822680	1446	pirA70951	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3195	42.8	76.4	474	hypothetical protein
874	4374	824190	825239	1050	pirH70950	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3194	43.4	74.9	350	hypothetical protein

【0242】

【表33】

第1-33 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相関連名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
875	4375	825910	825242	875						
876	4376	825517	825098	522						
877	4377	826616	829570	2955	pir-G70950	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3183c	47.2	73.5	1023	hypothetical protein
878	4378	830985	829827	1359	sp:AE001938.5	Deinococcus radiodurans DR0940	34.3	57.7	463	regulatory protein
879	4379	831021	831971	951	sp:ERI_HXVBR	Haemophilus influenzae latiflexus H1	67.4	85.0	301	ethylene-inducible protein
880	4380	831922	831578	345	PIRF72782	Aeropyrum pernix K1 APE0247	49.0	53.0	81	hypothetical protein
881	4381	831971	832570	600	sp:YAAE_BAGSU	Bacillus subtilis 168 yaeE	40.8	73.8	201	hypothetical protein
882	4382	833157	832795	363						
883	4383	833572	834833	1062	pir-TRYXB4	Lyobacter enzymogenes ATCC 29487	28.7	44.4	408	alpha-lytic proteinase precursor
884	4384	834888	835388	501						
885	4385	835253	835837	565	pir-S03722	Neurospora intermedia LaBelle-1b mitochondrion plasmid	25.0	51.4	208	DNA-directed DNA polymerase
886	4386	837312	838892	1581	sp:CSPI_CORGL	Corynebacterium glutamicum (Brevibacterium flavum) ATCC 17965 csp1	27.0	51.5	363	major secreted protein PS1 protein precursor
887	4387	838925	839353	429						
888	4388	839830	840139	310						
889	4389	840431	840210	222						
890	4390	840745	840437	309						
891	4391	842298	841517	780	pir-220723H	Streptomyces alboniger pur3	51.8	74.9	255	monophosphatase
892	4392	843124	842308	816	sp-U70378.9	Streptomyces flovopereus spcA	33.7	59.3	243	myo-inositol monophosphatase
893	4393	843257	844360	1104	sp-RF2_STRCO	Streptomyces coelicolor A3(2) prfB	68.0	88.6	359	peptide chain release factor 2
894	4394	844495	845181	687	pir-E70919	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3102e ftsE	70.4	91.2	226	cell division ATP-binding protein
895	4395	845105	844842	284	PIRG72510	Aeropyrum pernix K1 APE2061	43.0	54.0	72	hypothetical protein
896	4396	845198	846097	900	pir-D70919	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3101c ftsX	40.5	74.8	301	cell division protein
897	4397	846137	846828	492	sp:SMPB_ECOLI	Escherichia coli K12 empB	43.5	75.9	145	small protein B (SSPA-binding protein)
898	4398	846632	846982	351	sp:YEA0_ECOLI	Escherichia coli K12 yaeO	44.0	73.3	116	hypothetical protein
899	4399	846805	846289	537						
900	4400	847127	846028	300						
901	4401	848122	847718	405						
902	4402	848323	848499	825	sp:VJUB_VIBCH	Vibrio cholerae OGAWA 395 vjdB	28.8	52.9	272	vibrioactin utilization protein
903	4403	850243	849328	918	pir-2510361A	Staphylococcus aureus sfaA	29.5	58.3	319	Fe-regulated protein

【0243】

【表34】

第1-34 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	データベース	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	長さ (aa)	機能
904	4404	850999	850412	588	gp:MLCB1243_5	<i>Mycobacterium leprae</i> MLCB1243.07	36.1	71.2	191	hypothetical membrane protein
905	4405	851351	852364	1014	sp:FATB_VIBAN	<i>Vibrio anguillarum</i> 776 fatB	27.7	81.5	325	feric anguibactin-binding protein precursor
908	4408	852618	853816	998	pir:B69763	<i>Bacillus subtilis</i> 188 yclN	39.3	80.8	313	ferichrome ABC transporter (permease)
907	4407	853783	854724	942	pir:C68763	<i>Bacillus subtilis</i> 188 yclO	35.8	76.0	312	ferichrome ABC transporter (permease)
908	4408	854724	855476	753	pir:D68763	<i>Bacillus subtilis</i> 168 yojP	48.4	82.0	250	ferichrome ABC transporter (ATP-binding protein)
909	4409	860224	860078	147	PIRFB1737	<i>Chlamydia muridarum</i> Nigg TC0129	66.0	72.0	48	hypothetical protein
910	4410	860745	860473	273	GSP-Y35814	<i>Chlamydia pneumoniae</i>	81.0	86.0	84	hypothetical protein
911	4411	861544	862752	1209	pir:S66270	<i>Rattus norvegicus</i> (Rat)	33.5	84.9	442	kynurenine aminotransferase/glutamine transaminase K
912	4412	863391	862753	839						
913	4413	865066	863396	1671	sp:RA25_YEAST	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> S288C YIL143C RAD25	30.7	82.3	613	DNA repair helicase
914	4414	867317	865119	2198	pir:F70815	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv0882c	36.1	55.2	764	hypothetical protein
915	4415	867353	867371	219	pir:Q70815	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv0883	44.0	82.0	57	hypothetical protein
916	4416	867789	868530	843		<i>Micrococcus luteus</i> rnf	39.4	84.7	138	resuscitation-promoting factor
917	4417	868399	867803	597	prf:2420502A	<i>Lactococcus lactis</i> cspB	42.6	75.4	61	cold shock protein
918	4418	868938	869318	381	prf:2320221A	<i>Mycobacterium leprae</i> MLCB57.27c	28.3	58.5	159	hypothetical protein
919	4419	869803	869379	525	gp:MLCB57_11	<i>Deinococcus radiodurans</i> DR0112	41.8	87.8	273	glutamine cyclotransferase
920	4420	870681	869918	774	pr:AE001874_1					
921	4421	871419	870721	698		<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2)				permease
922	4422	871523	871650	138	gp:SC6C5_9	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SC6C5.08	43.6	79.3	477	permease
923	4423	871738	873210	1473		<i>Streptomyces azureus</i> tanR				rRNA(adenosine-2'-O-)-methyltransferase
924	4424	872927	872016	912	sp:TSNR_STRAZ		27.9	51.7	319	
925	4425	873213	874040	828		<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv0883c				hypothetical protein
926	4426	874944	874059	876		<i>Bacillus subtilis</i> ATCC 21783	32.6	65.1	316	
927	4427	875883	874951	933	sp:YZ11_MYCTU					
928	4428	877112	875985	1128	pir:S71439		21.8	52.9	374	phosphoserine transaminase

[0244]

[表35]

第1-35 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	△マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
929	4429	881114	879842	1473	sp:AGCD_ECOLI	Escherichia coli K12 accD	38.0	89.5	236	acetyl-coenzyme A carboxylase carboxy transferase subunit beta
930	4430	881647	881986	339	sp:SCIB.8	Streptomyces coelicolor A3(2) SCIB.08c	51.5	80.6	103	hypothetical protein
931	4431	881995	883847	1853	pir-JC2382	Pseudomonas fluorescens	26.4	58.1	549	sodium/proline symporter
932	4432	883726	884541	816						
933	4433	885388	884649	840	pir-A70657	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2525c	49.0	77.4	243	hypothetical protein
934	4434	885672	884578	8907	pir-S55505	Corynebacterium ammoniagenes fas	83.1	83.4	3026	fatty-acid synthase
935	4435	894703	895191	489						
936	4436	895408	895593	186						
937	4437	898642	895596	1047	pir-2317335B	Leptospira meyeri metX	29.0	59.7	335	homoserine O-acetyltransferase
938	4438	897144	896718	426						
939	4439	897423	897689	267	sp:AE002044.8	Deinococcus radiodurans DR2085	43.6	72.6	82	glutaredoxin
940	4440	897963	897727	237	pir-2408258A	Mycobacterium avium fdA	38.0	62.0	171	thymidylate reductase
941	4441	898434	897979	456	sp:TY-SY_ECOLI	Escherichia coli K12 thvA	64.8	88.9	261	thymidylate synthase
942	4442	899231	898434	798	sp:CYSQ_ECOLI	Escherichia coli K12 cysQ	32.2	56.4	202	ammonium transporter
943	4443	900008	899253	756	sp:SC7C7.16	Streptomyces coelicolor A3(2) SCTC7.16c	47.4	68.1	1715	ATP dependent DNA helicase
944	4444	900043	904602	4560	sp:FPQ_SYNEN	Synectococcus elongatus neegalli mutM	29.2	51.0	288	formamidopyrimidine-DNA glycosidase
945	4445	904615	905382	768	pir-F70818	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0870c	55.5	88.7	128	hypothetical protein
946	4446	905388	905796	408	sp:APL_LAGLA	Lactococcus lactis MQ1383 apl	38.8	71.9	196	alkaline phosphatase
947	4447	906391	905792	600	pir-T36776	Streptomyces coelicolor A3(2) SCIB.08c	33.8	67.0	403	integral membrane transporter
948	4448	907731	906558	1173						
949	4449	908612	908328	717	pir-NUJEC	Escherichia coli JM101 pil	52.4	77.0	557	glucose-6-phosphate isomerase
950	4450	909378	907759	1620	pir-G70608	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0336	24.6	52.3	195	hypothetical protein
951	4451	910696	908521	1178						
952	4452	910843	911223	381						
953	4453	911163	910855	309	sp:YT26_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0948c	59.0	85.9	78	hypothetical protein
954	4454	911226	913514	2289	sp:PCRA_BACST	Bacillus stearothermophilus NCA 1503 pcrA	48.1	73.1	763	ATP-dependent helicase

【0245】

【表36】

第1-36 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
955	4455	915899	913477	2223	gp:SCOE25_30	Streptomyces coelicolor A3(2) SCE75_30	21.8	48.6	865	ABC transporter
956	4456	916364	915899	666	prf2420410P	Bacillus subtilis 168 yvrO	43.8	71.4	217	ABC transporter
957	4457	916874	916368	507						
958	4458	917680	916970	711	pir-D70716	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0950c	43.6	73.3	236	peptidase
959	4459	917828	918352	1425	sp:YT19_MYC.TU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0955	31.1	60.8	434	hypothetical protein
960	4460	918054	917827	228						
961	4461	919330	919956	627	gp:AB003159_2	Corynebacterium ammoniagenes purN	84.6	86.2	189	5'-phosphoribosyl-5'-aminoimidazole-4-formyltransferase
962	4462	919967	921526	1560	gp:AB003159_3	Corynebacterium ammoniagenes purH	74.5	87.8	525	carboxamide formyltransferase
963	4463	921594	922412	819	gp:CGL133719_3	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 citE	100.0	100.0	217	citrate lyase (subunit)
964	4464	923061	922396	666	gp:CGL133719_2	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 antR	100.0	100.0	222	repressor of the high-affinity (methyl) ammonium uptake system
965	4465	923464	923138	327	gp:CGL133719_1	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 yjcC	100.0	100.0	109	hypothetical protein
966	4466	923661	923581	321						
967	4467	924407	924159	249	sp:RR18_CYAPA	Cyanophora paradoxa rps18	52.2	76.1	87	30S ribosomal protein S18
968	4468	924727	924425	303	sp:RS14_ECOLI	Escherichia coli K12 rpsN	54.0	80.0	100	30S ribosomal protein S14
969	4469	924895	924734	162	sp:RL33_ECOLI	Escherichia coli K12 rpsQ	55.1	83.7	49	50S ribosomal protein L33
970	4470	925134	924901	234	pir-R5EC28	Escherichia coli K12 rpsB	62.0	81.8	77	50S ribosomal protein L28
971	4471	926935	925325	1611	pir-B70033	Bacillus subtilis 168 yodB	34.4	71.1	529	transporter (sulfate transporter)
972	4472	927242	926931	312	prf2420312A	Staphylococcus aureus zntR	37.3	77.5	80	Zn/Co transport repressor
973	4473	927474	927737	264	sp:RL31_HAEDU	Haemophilus ducreyi rpmE	37.2	65.4	78	50S ribosomal protein L31
974	4474	927752	927922	171	gp:SC51A_14	Streptomyces coelicolor A3(2) SCF51A_14	60.0	78.2	55	50S ribosomal protein L32
975	4475	927785	927339	447						
976	4476	928117	928812	696	sp:COPR_PSESM	Pseudomonas syringae copR	48.0	73.6	227	copper-inducible two-component regulator
977	4477	928884	930248	1365	sp:BAES_ECOLI	Escherichia coli K12 barS	24.4	60.1	484	two-component system sensor
978	4478	930410	931848	1239	pr:S45229	Escherichia coli K12 htrA	33.3	59.9	406	protease DO precursor
979	4479	931706	932290	585	sp:CNX1_ARATH	Arabidopsis thaliana CV oxn1	27.7	54.3	188	molybdopter biosynthesis oxn1 protein (molybdenum cofactor biosynthesis enzymes oxn1)
980	4480	932280	932487	198						

【0246】

【表37】

第1-37 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致量 (aa)	機能
981	4481	932974	932570	405	sp:MSCL_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0985c mscl	50.4	71.1	131	large-conductance mechanosensitive channel
982	4482	933710	933080	651	pir-A70801	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0990	28.6	60.0	210	hypothetical protein
983	4483	934302	933733	570	pir-JC4389	Homo sapiens MTHFS	25.1	58.7	191	5-formyltetrahydrofolate cycle-1 gene
984	4484	934423	935319	897	pir-JC4885	Xanthomonas campestris	42.2	66.9	296	UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase
985	4485	935351	936507	1257	prf-24032968	Arthrobacter nictinovorans msaA	31.8	62.6	390	molybdopterin biosynthesis protein
986	4486	936815	937274	660	sp:RIMJ_ECOLI	Escherichia coli K12 rimJ	29.0	54.9	193	ribosomal-protein-alanine N-acetyltransferase
987	4487	937382	938401	1020	pir-Q70601	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0998	30.3	54.8	387	hypothetical membrane protein
988	4488	938427	939626	1200	sp:GYNX_ECOLI	Escherichia coli K12 cynX	26.6	62.4	380	cyanate transport protein
989	4489	939217	937799	1419	sp:YG02_HAEN	Haemophilus influenzae Rd H1602	32.1	80.9	137	hypothetical membrane protein
990	4490	939886	940090	405	sp:Y05C_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0993c	25.3	59.8	225	hypothetical membrane protein
991	4491	940041	940754	714	sp:CDAS_BAGSH	Bacillus sphaericus E-244 CDase	26.8	53.6	444	cyclomaltodextrinase
992	4492	940759	941925	1187	pir-E70602	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	43.0	75.2	488	hypothetical membrane protein
993	4493	943940	942381	1560	sp:Y19J_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1003	54.0	78.3	272	hypothetical protein
994	4494	944008	944833	825	sp:SYM_METTH	Methanobacterium thermoautotrophicum Delta H	33.8	66.7	615	methionyl-tRNA synthetase
995	4495	946840	948669	1830	prf-306383A	MTH587 metG	26.2	49.0	741	ATP-dependent DNA helicase
996	4496	948791	950839	2049	pir-B60206	Escherichia coli racQ	27.6	53.3	210	hypothetical protein
997	4497	951460	950828	633	sp:AF032053.1	Methanobacterium thermoautotrophicum Delta H MTH798	30.0	59.0	363	hypothetical protein
998	4498	952991	951834	1158	sp:YXAG_BAGSU	Bacillus subtilis 168 yxaG	33.0	59.6	94	transposase
999	4499	953573	953043	531	sp:AF029721.1	Enterococcus faecium	41.7	67.6	139	transposase
1000	4500	953973	954266	294	pir-TQECG	Escherichia coli K12	73.2	88.4	112	transposase subunit
1001	4501	954277	954753	477	sp:AF032053.1	Bravibacterium linens tnpA	48.4	75.6	565	D-lactate dehydrogenase
1002	4502	954841	955354	414	prf-2014263AE	Escherichia coli did	30.8	62.8	231	site-specific DNA-methyltransferase
1003	4503	955911	956774	864	sp:MTK1_KLEPN	Klebsiella pneumoniae OX8 kpnIM				
1004	4504	957396	955688	1713						
1005	4505	958883	957844	840						

【表38】

【0247】

第1-38 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1006	4506	959403	959185	219						
1007	4507	960081	960374	294	gp:AF029727.1	Enterococcus faecium	33.0	59.0	94	transposase
1008	4508	960385	960891	477	pir:TQEO3	Escherichia coli K12	41.7	61.6	139	transposase
1009	4509	961297	961853	357	sp:YJ04_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1994c	82.8	84.6	91	transcriptional regulator
1010	4510	961879	962249	421	pir:2514307A	Staphylococcus aureus cadD	31.7	66.8	205	cadmium resistance protein
1011	4511	961862	961321	342						
1012	4512	962809	963639	831	pir:C70603	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1008	46.4	70.7	263	hypothetical protein
1013	4513	963864	964934	1071	pir:D70603	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1009 rpf	34.8	63.5	362	hypothetical protein
1014	4514	964974	965852	878	sp:KSGA_ECOLI	Escherichia coli K12 ksgA	34.3	65.3	285	dimethyladenosine transferase
1015	4515	965852	966784	933	pir:F70603	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1011	42.9	67.0	315	isopentenyl monophosphate kinase
1016	4516	966581	965950	642	pir:S47441	Saccharopolyspora erythraea ertX	65.5	85.8	478	ABC transporter
1017	4517	966828	966860	1833	sp:PDAX_ECOLI	Escherichia coli K12 ndxK	40.1	67.4	242	pyridoxine kinase
1018	4518	966867	969458	792	sp:YX05_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2874	27.0	58.5	159	hypothetical protein
1019	4519	969940	969461	480						
1020	4520	970029	970349	321	gp:SCF1.2	Streptomyces coelicolor A3(2)	45.4	78.7	108	hypothetical protein
1021	4521	970418	970738	321	gp:SCF1.2	Streptomyces coelicolor A3(2)	35.5	69.2	107	hypothetical protein
1022	4522	970864	971823	960	gp:SCJ1.15	Streptomyces coelicolor A3(2)	64.8	88.1	281	regulator
1023	4523	973035	972244	792	sp:YXEH_BAOSU	Bacillus subtilis 168 yxeH	27.2	59.1	278	hypothetical protein
1024	4524	973139	974155	1017	pir:E70893	Mycobacterium tuberculosis H37Rv echA9	35.6	70.9	337	acetyl-CoA hydratase
1025	4525	973857	973304	854						
1026	4526	974186	974962	777						
1027	4527	976176	974965	1212						
1028	4528	976349	977734	1386	sp:CSPI_CORGL	Corynebacterium glutamicum (Brevibacterium flavum) ATCC 17865 csp1	27.7	56.8	440	major secreted protein PSI protein precursor
1029	4529	978378	977800	579	gp:SCF56.6	Streptomyces coelicolor A3(2)	44.0	70.0	100	transcriptional regulator (tetR family)
1030	4530	980740	978368	2373	gp:SCE87.17	Streptomyces coelicolor A3(2) SCE87.17c	42.6	70.0	802	membrane transport protein

【0248】

【表39】

第1-39表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	ドマツチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1031	4531	980893	981490	498	sp:MENQ_HAEIN	Haemophilus influenzae Rd H10508 menG	38.2	75.8	157	S-adenosylmethionine:2- demethylmenaquinone methyltransferase
1032	4532	981622	982287	666	sp:NMA6Z2491.2 14	Neisseria meningitidis NMA1953				hypothetical protein
1033	4533	982674	982294	381	pir-A70539	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1128c	29.8	63.6	121	hypothetical protein
1034	4534	983100	984650	1551	pir-A70539		24.9	48.3	482	hypothetical protein
1035	4535	984910	985846	936	pir-59305	Escherichia coli K12 prfC	39.2	68.0	546	peptide-chain-elongation factor 3
1036	4536	988510	984894	1647	prf-2406311A	Methylophilus methylotrophus fmfD	42.8	72.8	404	amide-urea transport protein
1037	4537	986739	988007	1269	prf-2406311B	Methylophilus methylotrophus fmfE	40.8	61.0	77	amide-urea transport protein
1038	4538	988023	988904	882	prf-2406311C	Methylophilus methylotrophus fmfF	34.6	68.0	234	amide-urea transport protein
1039	4539	988904	989980	1077	sp:BRAG_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa PAO brfF	37.9	70.0	253	high-affinity branched-chain amino acid transport ATP-binding protein
1040	4540	989880	990705	726	sp:BRAG_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa PAO brfG	35.2	69.1	236	high-affinity branched-chain amino acid transport ATP-binding protein
1041	4541	990716	991414	699	sp:PTH.ECOLI	Escherichia coli K12 pth	38.0	70.8	187	peptidyl-tRNA hydrolase
1042	4542	992028	991417	612	sp:2NPD_WILMR	Williepie mukaii IFO 0895	25.2	54.0	361	2-nitropropane dioxygenase
1043	4543	992058	993080	1023	sp:G3P_ZYMMO	Streptomyces roseofulvus gap	39.5	72.8	342	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase
1044	4544	993549	994813	1065	GSP-Y76094	Neisseria meningitidis	54.0	81.0	51	polypeptides predicted to be useful antigens for vaccines and diagnostics
1045	4545	994474	994106	368	sp:PTH.ECOLI	Escherichia coli K12 pth	38.5	63.2	174	peptidyl-tRNA hydrolase
1046	4546	995375	994845	531	pir-B70622	Mycobacterium tuberculosis H37Rv rplY	47.0	66.0	194	50S ribosomal protein L25
1047	4547	996126	995527	600	sp:LGUL_SALTY	Salmonella typhimurium D21 goA	28.7	54.8	143	lactoylglutathione lyase
1048	4548	996402	996830	429	prf-2516401RW	Bacillus cereus ATCC 10987 alkD	38.9	62.5	208	DNA adenylation repair enzyme
1049	4549	997456	996833	824	sp:KPRS_BACOL	Bacillus subtilis pra	44.0	79.1	316	ribose-phosphate pyrophosphokinase
1050	4550	998440	997486	975	pir-S68080	Bacillus subtilis goaD	42.0	71.9	452	UDP-N-acetylglucosamine pyrophosphorylase
1051	4551	999909	998455	1455	sp:SUF1.ECOLI	Escherichia coli K12 sufI	30.8	61.7	506	sufI protein precursor
1052	4552	1001242	1000016	1227	sp:NOD1_RHIS3	Rhizobium sp. N33 nodI	35.8	64.8	310	modulation ATP-binding protein I
1053	4553	1001332	1002894	1533	pir-IN0850	Streptomyces lividans ORF2	30.2	63.2	272	hypothetical membrane protein
1054	4554	1003013	1003930	918						
1055	4555	1003953	1004763	831						

【0249】

【表40】

第1-40表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1056	4556	1004829	1008085	1257	sp:UHPB_ECOLI	Escherichia coli K12 uhpB	24.0	48.4	459	two-component system sensor histidine kinase
1057	4557	1006089	1006697	609	prf:2107255A	Streptomyces peucetius chrN	36.8	67.3	202	two component transcriptional regulator (luxR family)
1058	4558	1008937	1008734	204		Streptomyces coelicolor A3(2) SCF15.07	31.5	64.5	349	hypothetical membrane protein
1059	4559	1006998	1008152	1155	sp:SCF15.7	Streptomyces glaucescens strV	28.6	57.0	535	ABC transporter
1060	4560	1008522	1010051	1440	pir:S65587	Streptomyces glaucescens strV	28.6	57.0	535	ABC transporter
1061	4561	1008888	1008534	163		Streptomyces glaucescens strV	28.6	57.0	535	ABC transporter
1062	4562	1010057	1011790	1734	pir:T14180	Mycobacterium smegmatis exT	44.0	74.0	573	ABC transporter
1063	4563	1013761	1011797	1965	sp:GGT_ECOLI	Escherichia coli K12 ggt	32.4	58.6	666	gamma-glutamyltranspeptidase precursor
1064	4564	1014018	1014284	249						
1065	4565	1014861	1014343	619						
1066	4566	1014925	1015118	192						
1067	4567	1015632	1016560	909						
1068	4568	1015692	1015450	243	GPU:AF164956.2 3	Corynebacterium glutamicum TnpHC	64.0	72.0	37	transposase protein fragment
1069	4569	1015852	1015145	708	sp:AF121000.8	Corynebacterium glutamicum 22243 R-plasmid PAG1 tnpB	99.9	100.0	236	transposase OS1628 TnpB
1070	4570	1016557	1017018	462						
1071	4571	1017870	1017274	597						
1072	4572	1018082	1018393	312						
1073	4573	1018416	1019068	651	sp:TETG_ECOLI	Escherichia coli tetR	23.0	59.8	183	transcriptional regulator (TetR-family)
1074	4574	1019090	1022718	3827	sp:MFD_ECOLI	Escherichia coli mfd	38.2	65.1	1217	transcription/repair-coupling protein
1075	4575	1020613	1019390	1224						
1076	4576	1021305	1021078	228	GSP:Y75301	Neisseria gonorrhoeae	48.0	69.0	76	Neisserial polypeptides predicted to be useful antigens for vaccines and diagnostics
1077	4577	1024668	1022699	1968	sp:MDLB_ECOLI	Escherichia coli mdlB	31.3	62.7	632	multidrug resistance-like ATP-binding protein, ABC-type transport protein
1078	4578	1026396	1024666	1731	sp:YC73_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1273c	50.2	81.9	574	ABC transporter
1079	4579	1028888	1026505	2382	sp:YUJ3_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 ori3	100.0	100.0	368	hypothetical membrane protein
1080	4580	1031885	1032181	297						
1081	4581	1032198	1032780	585	sp:YABN_BAGSU	Bacillus subtilis yabN	33.4	67.4	183	hypothetical protein
1082	4582	1033185	1032760	428						
1083	4583	1033648	1033269	378						

【0250】

【表41】

第1-41 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1084	4584	1033954	1034739	786	pir-A70823	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1072 JpQU	46.5	68.8	241	lpqU protein
1085	4585	1034640	1036223	1275	sp-ENO_BACSU	Bacillus subtilis ene	84.5	88.0	422	enolase (2-phosphoglycerate dehydratase)(2-phospho-D-glycerate hydro-lyase)
1088	4586	1038159	1038018	144	PIR-B72477	Aeropyrum pernix K1 APE2459	88.0	58.0	41	hypothetical protein
1087	4587	1036316	1036855	540	pir-C70823	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1024	31.9	55.0	191	hypothetical protein
1088	4588	1036900	1037445	546	pir-D70823	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1025	59.5	77.8	153	hypothetical protein
1089	4589	1037448	1038410	963	sp-QPPA_ECOLJ	Escherichia coli gppA	26.2	55.0	329	guanosine pentaphosphatase or aroprophosphatase
1090	4590	1037481	1036498	984	sp-THD2_ECOLI	Escherichia coli tdcB	30.3	64.7	314	threonine dehydratase
1091	4591	1038850	1038721	830						
1092	4592	1039783	1039971	195	pir-B72287	Thermotoga maritima MSB8	48.3	74.1	58	hypothetical protein
1093	4593	1039986	1040325	330	sp-RHAR_ECOLJ	Escherichia coli rhaR	24.8	55.8	242	transcription activator of L-rhamnose operon
1094	4594	1040484	1040682	189						
1095	4595	1040925	1041917	993	sp-F70803	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1072	57.8	80.1	282	hypothetical protein
1096	4596	1042027	1042842	816						
1097	4597	1043236	1042850	387	gp-SGF55_39	Streptomyces coelicolor A3(2)	30.0	57.1	140	hypothetical protein
1098	4598	1043747	1043298	450	sp-OREA_ECOLI	Escherichia coli groA	35.0	80.1	143	transcription elongation factor
1099	4599	1044285	1043774	522	pir-G70894	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1081c	34.3	72.1	140	hypothetical protein
1100	4600	1044959	1044477	483	pir-S44952	Streptomyces lincolniensis ImbE	31.7	56.3	300	lincomycin-production
1101	4601	1045158	1046030	873						
1102	4602	1046073	1046390	318	sp-AROG_CORQL	Corynebacterium glutamicum aroG	89.2	99.5	367	3-deoxy-D-arabino-heptulosonate-7- phosphate synthase
1103	4603	1046610	1047707	1088						
1104	4604	1047452	1046820	633	sp-YARF_CORQL	Corynebacterium glutamicum CORC18310	86.0	97.3	97	hypothetical protein or undecaprenyl pyrophosphate synthetase
1105	4605	1047827	1048501	675	SP-YARF_CORQL	Corynebacterium glutamicum (Brevibacterium flavum)	100.0	100.0	28	hypothetical protein
1106	4606	1048356	1048529	174						
1107	4607	1048525	1049043	519						
1108	4608	1049385	1049068	318						

【表42】

【0251】

第1-42 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1109	4809	1050362	1049421	938	sp:COAA_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> coxA	53.9	79.9	308	pantothenate kinase
1110	4810	1050824	1051925	1302	gsp:R97745	<i>Brevibacterium flavum</i> MJ-233 dXA	99.5	100.0	434	serine hydroxymethyl transferase
1111	4811	1052021	1053880	1860	sp:PABS_STRGR	<i>Streptomyces griseus</i> pabS	47.6	70.1	896	p-aminobenzoic acid synthase
1112	4812	1053880	1054802	723						
1113	4813	1054859	1055722	864						
1114	4814	1055032	1054640	393						
1115	4815	1055783	1056319	537	gp:A01504.1	<i>Alcaligenes faecalis</i> ptoR	30.3	58.8	165	phosphothricin resistance protein
1116	4816	1057200	1056322	879	sp:YBQK_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> ybqK	30.3	59.0	300	hypothetical protein
1117	4817	1057573	1058828	1056						
1118	4818	1057868	1057200	689	sp:YBQJ_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> ybqJ	37.8	57.8	225	hypothetical protein
1119	4819	1058598	1057843	756	sp:LAMB_EMENI	<i>Emeticella nidulans</i> lamB	30.8	52.2	276	lactam utilization protein
1120	4820	1059214	1058624	591	sp:YCSH_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> ycsH	40.8	81.2	165	hypothetical membrane protein
1121	4821	1059218	1059889	672						
1122	4822	1059360	1059902	803	sp:YDHC_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> ydhC	28.0	63.2	204	transcriptional regulator
1123	4823	1060112	1060792	681	sp:FUNH_RAT	<i>Rattus norvegicus</i> (Rat) funH	52.0	79.4	456	fumarate hydratase precursor
1124	4824	1060869	1062146	1278	gp:AF048979.1	<i>Rhodococcus erythropolis</i> IQTS8 dszD	32.7	65.4	169	NADH-dependent FMN oxidoreductase
1125	4825	1063829	1062211	1419						
1126	4826	1063936	1064424	489						
1127	4827	1064736	1064478	261						
1128	4828	1065200	1064754	447						
1129	4829	1065867	1065304	564	gp:SCAH10.16	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SLAH10.16	55.4	81.0	184	reductase
1130	4830	1066083	1067570	1488	sp:SOXARHOSO	<i>Rhodococcus</i> sp. IQTS8 soxA	39.1	67.7	443	dbenzothiophene desulfurization enzyme
1131	4831	1067570	1068849	1080	sp:SOXC_RHOSO	<i>Rhodococcus</i> sp. IQTS8 soxC	28.8	51.3	372	dbenzothiophene desulfurization enzyme
1132	4832	1068649	1069845	1197	sp:SOXC_RHOSO	<i>Rhodococcus</i> sp. IQTS8 soxC	28.9	61.6	391	dbenzothiophene desulfurization enzyme
1133	4833	1069892	1068913	780						
1134	4834	1069808	1069119	680						
1135	4835	1069959	1071134	1176	gp:ECO237895.3	<i>Escherichia coli</i> K12 ssuD	45.3	73.1	397	FMN(H2)-dependent aliphatic sulfonate monooxygenase
1136	4836	1072441	1071479	963	sp:GLPX_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 glpX	44.3	75.7	325	glycerol metabolism
1137	4837	1072876	1073245	570	pir:B70897	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv1100	27.5	56.4	211	hypothetical protein
1138	4838	1075241	1073940	1902	pir:H70082	<i>Bacillus subtilis</i> ymdM	31.3	66.1	227	hypothetical protein

[0252]

[表43]

第1-43 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致率 (aa)	機能
1139	4639	1075357	1075941	285		<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SCH24.37	36.6	78.1	82	transmembrane efflux protein
1140	4640	1075553	1075329	225	sp:SH24_37	<i>Escherichia coli</i> K12 MG1655 xseB	40.3	67.7	62	oxalate decarboxylase small subunit
1141	4641	1075909	1075887	243	sp:EXTS_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 MG1655 xseA	30.0	55.6	486	oxalate decarboxylase large subunit
1142	4642	1077183	1075933	1251	sp:EXTL_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 MG1655 xseA	50.2	78.8	311	penicillin tolerance
1143	4643	1077297	1078271	975	sp:LYTB_ECOLI	<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	33.0	47.0	131	polypeptides predicted to be useful antigens for vaccines and diagnostics
1144	4644	1077734	1077306	429	GSP:Y75421	<i>Escherichia coli</i> K12 perM	26.3	63.9	338	porin
1145	4645	1079146	1078319	828	sp:PERM_ECOLI	<i>Rattus norvegicus</i> (Rat) SLC6A7 nupR	30.3	61.4	552	sodium-dependent proline transporter
1146	4646	1080540	1078221	1320	sp:NTPR_RAT	<i>Corynebacterium glutamicum</i> 17369 c591	29.9	60.0	412	major secreted protein PSI protein precursor
1147	4647	1080965	1080786	180	sp:CSP1_CORGL	<i>Bacillus subtilis</i> Yvaf	70.1	88.8	361	GTP-binding protein
1148	4648	1082708	1080972	1737	sp:YVAF_BACSU	<i>Dichlobacter nodosus</i> intA	57.3	80.0	76	virulence-associated protein
1149	4649	1084183	1082951	1233	sp:VAPI_BACNO	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> argF	29.6	58.8	301	ornithine carbamoyltransferase
1150	4650	1084380	1085492	1083	sp:OTCA_PSEAE	<i>Bacillus subtilis</i> 168 ykb	39.2	69.9	143	hypothetical protein
1151	4651	1085781	1086087	297	sp:YKKB_BACSU	<i>Mus musculus</i> RDH4	33.8	60.8	198	9-cis retinol dehydrogenase or oxidoreductase
1152	4652	1086096	1086917	822	sp:AF013288_1	<i>Streptomyces coelicolor</i> SC3C8.10	42.2	73.0	398	transposase/integrase (S110)
1153	4653	1087544	1087044	501	sp:YIS1_STRCO	<i>Escherichia coli</i> K12 ygeE	23.0	52.2	153	hypothetical membrane protein
1154	4654	1088293	1087664	630	sp:YE0E_ECOLI	<i>Rhizobium meliloti</i> nodC	22.8	47.1	259	N-acetylglucosaminyltransferase
1155	4655	1089740	1088535	1206	sp:NODC_RHIME					
1156	4656	1090175	1093219	3042		<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 31831	82.6	93.8	97	transposase (insertion sequence IS1831)
1157	4657	1093829	1094693	765	sp:YE0E_ECOLI	<i>Corynebacterium glutamicum</i> (<i>Brevibacterium lactofermentum</i>) ATCC 13889	79.2	94.4	125	transposase
1158	4658	1094893	1094911	219	sp:NODC_RHIME	<i>Corynebacterium glutamicum</i> (<i>Brevibacterium lactofermentum</i>) ATCC 13889	87.5	95.8	48	transposase
1159	4659	1095052	1095384	333						
1160	4660	1095677	1095387	291	pir:S43813					
1161	4661	1096093	1095718	375	pir:JC4742					
1162	4662	1096331	1096188	144	pir:JC4742					

【表44】

【0253】

第1-44 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1163	4663	1098471	1098331	141						
1164	4664	1097111	1096746	366						
1165	4665	1097229	1097726	498						
1166	4666	1097750	1098592	843	sp:MORA_PSEPU	<i>Pseudomonas putida</i> M10 narA	37.5	66.3	264	oxidoreductase or morphine-6-dehydrogenase (naloxone reductase)
1167	4667	1098609	1098929	321	sp:DC4C_ACICA	<i>Acinetobacter calcoaceticus</i> dc4c	33.3	63.9	108	4-carboxymuconolactone decarboxylase
1168	4668	1099088	1099750	663						
1169	4669	1099209	1099015	195						
1170	4670	1099768	1099115	654	sp:AF058302.19	<i>Streptomyces roseofulvus</i> frnS	34.9	60.4	148	franolcin gene cluster protein involved in franolcin biosynthesis
1171	4671	1099917	1101653	1737	sp:SPU59234.3	<i>Synechococcus</i> sp. PCC 7642 secC	48.1	78.5	583	biotin carboxylase
1172	4672	1102043	1102639	597						
1173	4673	1102695	1103192	498						
1174	4674	1103180	1103524	345						
1175	4675	1103951	1104103	153						
1176	4676	1104923	1105581	659						
1177	4677	1106058	1104103	1956	sp:YT15_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv0959	57.9	80.3	655	hypothetical protein
1178	4678	1107381	1106086	1296	sp:BCHLRHOSH	<i>Rhodobacter sphaeroides</i> ATCC 17023 hcd1	27.7	52.6	329	magnesium chelatase subunit
1179	4679	1107560	1108201	642	sp:AMU73809.1	<i>Amicycolopsis methanolica</i> pgm	33.8	62.5	160	2,3-PDO dependent phosphoglycerate mutase
1180	4680	1108201	1108905	705	pir-A70577	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2133c	38.2	60.7	262	hypothetical protein
1181	4681	1108993	1109784	792	sp:STMBCPA_1	<i>Streptomyces hygroscopicus</i> SF1283 BcpA	29.4	59.3	248	carboxyphosphoenolpyruvate phosphomutase
1182	4682	1109792	1111432	1641	sp:TLRG_STRFR	<i>Streptomyces fradiae</i> thC	31.7	54.1	593	tyrosin resistance ATP-binding protein
1183	4683	1111820	1111425	396	sp:Y06C_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2923c	29.4	60.9	136	hypothetical protein
1184	4684	1111889	1112230	342	sp:PHNA_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 MG1655 phnA	55.0	82.0	111	alkylphosphonate uptake protein
1185	4685	1112957	1112484	474	sp:YXAD_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> 168 yxaD	32.1	62.7	134	transcriptional regulator
1186	4686	1113102	1114319	1218	sp:SPN7367.1	<i>Streptococcus pneumoniae</i> pmrA	22.6	59.4	387	multi-drug resistance efflux pump
1187	4687	1114488	1115793	1308	pir-S43613	<i>Corynebacterium glutamicum</i> (Brevibacterium lactofermentum) ATCC 31831	99.5	99.8	438	transposase (insertion sequence IS31831)

【0254】

【表45】

第1-45 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1188	4688	1116905	1115832	1074	gp:RFAJ3152.2	Ruminococcus flavefaciens cysteine desulphurase gene	43.9	73.4	376	cysteine desulphurase
1189	4689	1117744	1116908	837	sp:NADG_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis	42.1	68.9	283	nicotinate-nucleotide pyrophosphorylase
1190	4690	1118932	1117751	1182	pir:E69663	Bacillus subtilis nadA	49.3	77.6	361	quinolinate synthetase A
1191	4691	1119727	1119086	642	gp:SC588.7	Streptomyces coelicolor SC588.07	37.0	60.9	235	DNA hydrolase
1192	4692	1120205	1120804	600	gp:AE001981.5	Deinococcus radiodurans RI DR1112	23.4	54.7	192	hypothetical membrane protein
1193	4693	1121432	1120833	600	gp:SC3A7.8	Streptomyces coelicolor SC3A7.08	36.0	66.4	214	hypothetical protein
1194	4694	1121808	1121468	342	sp:YBDF_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 ybfF	41.7	74.1	108	hypothetical protein
1195	4695	1122606	1121818	789	gp:AA21740.1	Escherichia coli K12 pIA	30.1	60.7	216	lipote-protein ligase A
1196	4696	1123051	1123461	411	sp:PHN8_ECOLI	Escherichia coli K12 phnB	29.7	60.8	148	alkylphosphonate uptake protein and C-P lyase activity
1197	4697	1124826	1123534	1293	sp:PCAK_PSEPU	Pseudomonas putida pckK	28.8	64.3	420	transmembrane transport protein or 4- hydroxybenzoate transporter
1198	4698	1126020	1124838	1185	sp:PHHY_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa phhy	40.8	68.6	395	p-hydroxybenzoate hydroxylase (4- hydroxybenzoate 3-monooxygenase)
1199	4699	1128423	1127009	688	pir:A68869	Bacillus subtilis 168 ykoE	38.7	69.6	191	hypothetical membrane protein
1200	4700	1127013	1128350	1338	sp:YJJK_ECOLI	Escherichia coli yjkK	24.8	47.6	532	ABC transporter ATP-binding protein
1201	4701	1128350	1129102	753	pir:G69858	Bacillus subtilis 168 ykoG	25.6	61.6	250	hypothetical membrane protein
1202	4702	1129102	1129632	531						
1203	4703	1129656	1130704	1050	sp:CHAA_ECOLI	Escherichia coli chaA	33.3	69.0	339	Ca ²⁺ /H ⁺ antiporter ChaA
1204	4704	1130721	1131428	708	pir:C75001	Pyrococcus abyssi Orsay PAB1341	28.4	57.6	236	hypothetical protein
1205	4705	1132123	1131401	723	sp:YWAF_BAGSU	Bacillus subtilis ywaf	27.6	61.1	221	hypothetical membrane protein
1206	4706	1134472	1132133	2340	sp:UVRA_THETH	Thermus thermophilus unvA	35.5	58.7	946	exonuclease ABC subunit A
1207	4707	1134561	1135055	495	sp:TPX_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv tpX	57.3	81.7	164	thioredoxin peroxidase
1208	4708	1135476	1135691	216						
1209	4709	1136833	1136058	1776						
1210	4710	1137891	1136938	954	sp:YED1_ECOLI	Escherichia coli yedJ	39.9	72.0	318	hypothetical membrane protein
1211	4711	1137960	1138859	900	gp:SCF78.2	Streptomyces coelicolor A3(2)	34.0	49.0	262	oxidoreductase or thiamin biosynthesis protein
1212	4712	1138880	1139245	366						
1213	4713	1139198	1139492	297						
1214	4714	1139357	1139617	261						

【0255】

【表46】

第1-46表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1215	4715	1140021	1139635	387	sp:CTR2_PENVA	<i>Penaeus vannamei</i>	28.8	51.3	271	chymotrypsin B11
1216	4716	1140081	1140028	834	sp:ARC1_ECOLI	<i>Escherichia coli</i>	43.2	72.1	111	arsenate reductase (arsenical pump modifier)
1217	4717	1141245	1140901	345	sp:TYAD_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> YvaD	23.5	62.4	340	hypothetical membrane protein
1218	4718	1141273	1142472	1200	pir:F70559	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv1632c	43.5	71.4	147	hypothetical protein
1219	4719	1143016	1142479	537	pir:F70555	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv1157c	35.8	62.9	221	hypothetical protein
1220	4720	1143739	1143028	714	sp:TYPA_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 typA	46.3	76.7	614	GTP-binding protein (tyrosine phosphorylated protein A)
1221	4721	1144118	1146028	1911	pir:F70874	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv1166	21.9	54.9	508	hypothetical protein
1222	4722	1146097	1147602	1508	pir:B70875	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv1170	38.7	81.9	315	hypothetical protein
1223	4723	1147592	1148461	870	sp:FER STRGR	<i>Streptomyces griseus</i> far	78.8	91.3	103	ferredoxin [4Fe-4S]
1224	4724	1148445	1148882	438	sp:AAT_BACSP	<i>Bacillus sp. strain</i> YM-2 eat	25.9	52.9	397	aspartate aminotransferase
1225	4725	1148953	1149267	315						
1226	4726	1149279	1150378	1101						
1227	4727	1150408	1151028	621						
1228	4728	1151186	1152370	1185						
1229	4729	1153293	1152373	891	sp:CGAJ4934_1	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 dapD	100.0	100.0	229	tetrahydrodipicolinate succinylase or succinylation of piperidine-2,9-dicarboxylate
1230	4730	1156537	1155876	663						
1231	4731	1156902	1157689	768	pir:S60064	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 orf2	100.0	100.0	211	hypothetical protein
1232	4732	1157694	1158624	831	sp:SCP8_4	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) dhpS	59.0	69.0	273	dihydropterate synthase
1233	4733	1158524	1159252	729	sp:MLU15180_14	<i>Mycobacterium leprae</i> u1756l	45.7	73.1	245	hypothetical protein
1234	4734	1159287	1159572	306	pir:G70609	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv1209	31.3	67.7	99	hypothetical protein
1235	4735	1159635	1159799	165	sp:W32443	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> myrA	72.3	91.5	47	antigen TbAAMK, useful in vaccines for prevention or treatment of tuberculosis
1236	4736	1159895	1160728	864	sp:MYRA_MICOR	<i>Micromonospora griseorubida</i> myrA	39.2	67.8	286	mycinamin-resistance gene
1237	4737	1162231	1160738	1484	sp:SCRB_PEDPE	<i>Pedococcus pentoseus</i> scrb	23.5	51.0	524	sucrose-6-phosphate hydrolase
1238	4738	1163605	1162379	1227	sp:QLGA_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 MG1655 elgA	24.7	51.3	433	ADPGlucose-starch(bacterial glycogen) glucosyltransferase

【0256】

【表47】

第1-47表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1239	4739	1163702	1184916	1215	sp:GLGC_STRCO	Streptomyces coelicolor A3(2) glcC	81.0	81.8	400	glucose-1-phosphate adenylyltransferase
1240	4740	1165812	1184974	639	sp:MDMC_STRMY	Streptomyces mycarofaciens MdmC	25.8	62.4	83	methyltransferase
1241	4741	1165746	1188384	639	sp:RPOE_ECOLI	Escherichia coli rpoE	27.3	57.2	194	RNA polymerase sigma factor (Sigma-24); heat shock and oxidative stress
1242	4742	1166576	1167067	492						
1243	4743	1167110	1167577	468	pir:C70508	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1224	45.5	73.2	112	hypothetical protein
1244	4744	1168711	1167587	1125	sp:MRP_ECOLI	Escherichia coli mpr	43.6	72.0	257	ATPase
1245	4745	1169325	1188747	579	pir:B70509	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1231o	60.4	83.8	154	hypothetical protein
1246	4746	1170810	1189321	1290	pir:C70509	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1232c	49.8	77.0	434	hypothetical protein
1247	4747	1170672	1171187	516	pir:A70862	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1234	57.9	87.1	140	hypothetical protein
1248	4748	1171208	1171871	666						
1249	4749	1172482	1171889	594						
1250	4750	1176271	1172501	3771	prf:2306367A	Corynebacterium glutamicum AJ12038 adhA	99.4	99.8	1257	2-oxoglutarate dehydrogenase
1251	4751	1180048	1176308	3741	sp:MDR2_CRIGR	Cristatus griseus (Chinese hamster) MDR2	28.8	60.4	1288	ABC transporter or multidrug resistance protein 2 (P-glycoprotein 2)
1252	4752	1180837	1180121	717	pir:H70853	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1249c	31.7	72.1	240	hypothetical protein
1253	4753	1181875	1180872	804	sp:AROE_ECOLI	Escherichia coli aroE	25.5	61.2	265	shikimate dehydrogenase
1254	4754	1181993	1183603	1611	sp:PNBA_BACSU	Bacillus subtilis pnba	35.7	64.7	501	para-nitrobenzyl esterase
1255	4755	1183607	1184257	651						
1256	4756	1184280	1185156	876						
1257	4757	1185742	1185218	525						
1258	4758	1185825	1187039	1215	sp:TCRI_ECOLI	Escherichia coli transposon Tn1721 tetA	27.1	61.4	409	tetracycline resistance protein
1259	4759	1187043	1188389	1347	sp:TCMA_STRQA	Streptomyces glaucosens tcma	32.4	64.2	444	metabolite export pump of tetracycline C resistance
1260	4760	1189822	1190528	705						
1261	4761	1190822	1188388	2235	pir:S67636	Catharanthus roseus meE	45.2	72.2	774	5-methyltetrahydropteroyldiglutamate-- homocysteine S-methyltransferase
1262	4762	1191087	1191542	456						
1263	4763	1192410	1193807	1398	esp:Y29930	Nocardia asteroides strain KGB1	55.2	79.5	444	thiophane biosynthesis protein

【表48】

第1-48 表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1264	4764	1193867	1194180	324						
1265	4765	1194185	1195109	945						
1266	4766	1185916	1185125	782						
1267	4767	1195974	1197620	1647						
1268	4768	1187624	1191815	192						
1269	4769	1199543	1197890	1554	sp:CYDC_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 MG1655 cydC	28.7	83.5	526	ABC transporter
1270	4770	1201075	1199543	1533	sp:CYOD_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 MG1655 cydD	29.4	58.4	551	ABC transporter
1271	4771	1202088	1201090	999	sp:AB035086.2	<i>Corynebacterium glutamicum</i> (<i>Brevibacterium lactofermentum</i>) cydB	92.0	93.0	333	cytochrome bd-type menaquinol oxidase subunit II
1272	4772	1203632	1202094	1539	sp:AB035086.1	<i>Corynebacterium glutamicum</i> (<i>Brevibacterium lactofermentum</i>) cydA	99.6	99.0	512	cytochrome bd-type menaquinol oxidase subunit I
1273	4773	1206180	1203916	2285	sp:YEJH_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 MG1655 yehH	26.4	55.0	402	helicase
1274	4774	1206316	1206657	342						
1275	4775	1207223	1206831	393	sp:MUTT_PROVU	<i>Proteus vulgaris</i> mutT	38.9	65.8	98	mutator mutT protein (7,8-dihydro-8-oxoguanine-triphosphatase)(8-oxo-dGTPase)(dGTP pyrophosphohydrolase)
1276	4776	1207374	1208138	765	sp:PROY_SALTY	<i>Salmonella typhimurium</i> proY	51.3	85.0	433	proline-specific permease
1277	4777	1209615	1208212	1404	sp:DEAD_KLEPN	<i>Klebsiella pneumoniae</i> CG43 DEAD box ATP-dependent RNA helicase desD	48.1	74.3	643	DEAD box ATP-dependent RNA helicase
1278	4778	1209934	1212129	2196	prf:2323363BT	<i>Mycobacterium leprae</i> B1308_C2_181	24.7	47.4	247	bacterial regulatory protein, tetR family
1280	4780	1213289	1214858	1569	sp:PCPB_FLAS3	<i>Spilopodia flava</i> pcpb	24.5	47.7	595	pentachlorophenol 4-monooxygenase
1281	4781	1214871	1215938	1068	sp:CLOE_PSES8	<i>Pseudomonas</i> sp. B13 ckeE	40.4	72.0	354	maleylacetate reductase
1282	4782	1216952	1216836	865	sp:CATA_ACIQA	<i>Acinetobacter calcoaceticus</i> catA	30.6	59.4	278	catechol 1,2-dioxygenase
1283	4783	1217374	1216904	471						
1284	4784	1217982	1217443	540	pr:A70672	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2972c	31.9	58.4	185	hypothetical protein
1285	4785	1218895	1222998	3102	sp:SNF2_YEAST	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> SNF2	24.9	55.4	878	transcriptional regulator
1286	4786	1222905	1221841	1085						
1287	4787	1222986	1223843	858	sp:SC0007731.0	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) orfZ	29.6	56.2	203	hypothetical protein

【0258】

【表49】

第1-49 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマツチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致率 (aa)	機能
1288	4788	1223887	1223059	1173	plcE70755	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1277	39.2	67.3	395	phosphatase
1289	4789	1225086	1227683	2628	epY084_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1278	29.7	59.6	915	hypothetical protein
1290	4790	1227587	1227282	308						
1291	4791	1227657	1227340	318						
1292	4792	1227863	1228636	774	gpAB028886.1	Petroleum-degrading bacterium HD-1 hds	37.3	64.6	220	esterase or lipase
1293	4793	1228718	1229095	378						
1294	4794	1229150	1229935	786						
1295	4795	1228716	1229180	537	sp:ATOE_ECOLI	Streptomyces coelicolor SC102.14c atoE	37.7	69.7	122	short-chain fatty acids transporter
1296	4796	1228895	1230480	486	sp:PECS_ERWCH	Erwinia chrysanthemi recS	24.7	56.6	166	regulatory protein
1297	4797	1230810	1230831	222						
1298	4798	1231432	1230914	519						
1299	4799	1231730	1232479	750	sp:FNR_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 fnr	25.0	57.9	228	fumarate (and nitrate) reduction regulatory protein
1300	4800	1232603	1232636	234	sp:MERP_SHEPU	Shewanella putrefaciens merP	33.3	60.7	81	mercuric transport protein periplasmic component precursor
1301	4801	1233007	1234681	1875	sp:ATZN_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 atnZ	38.0	70.6	605	zinc-transporting ATPase Zn(II)- translocating P-type ATPase
1302	4802	1234983	1235612	630	sp:RELA_VIBSS	Vibrio sp. S14 relA	32.9	58.4	137	GTP pyrophosphokinase (ATP-GTP 3'- pyrophosphotransferase) (ppGpp synthetase I)
1303	4803	1238125	1236545	1581	gpR80504	Streptomyces lividans tap	26.6	49.3	601	tripeptidyl aminopeptidase
1304	4804	1242158	1241554	603						
1305	4805	1242275	1242156	120						
1306	4806	1243621	1243728	108	GSP-P6149	Corynebacterium glutamicum	95.0	98.0	24	homoserine dehydrogenase
1307	4807	1245201	1243942	1260						
1308	4808	1245532	1244843	690						
1309	4809	1246499	1245720	777	sp:NARI_BACSU	Bacillus subtilis narI	45.0	69.6	220	nitrate reductase gamma chain
1310	4810	1247239	1246508	732	sp:NARI_BACSU	Bacillus subtilis narJ	30.3	63.4	175	nitrate reductase delta chain
1311	4811	1248781	1247199	1593	sp:NARI_BACSU	Bacillus subtilis narH	56.6	83.4	505	nitrate reductase beta chain
1312	4812	1249851	1250444	594	PIR-D72803	Aeropyrum pernix K1 APE1291	38.0	48.0	137	hypothetical protein
1313	4813	1251545	1251817	273	PIR-B72803	Aeropyrum pernix K1 APE1289	38.0	55.0	63	hypothetical protein
1314	4814	1252531	1248784	3744	sp:NARO_BACSU	Bacillus subtilis narG	46.9	73.8	1271	nitrate reductase alpha chain
1315	4815	1253806	1252557	1350	sp:NARR_ECOLI	Escherichia coli K12 narK	32.8	67.9	461	nitrate extrusion protein

【0259】

【表50】

第1-50 表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db-マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1316	4816	1254146	1254034	489	sp:CNX1_ARATH	Arabidopsis thaliana CV crx1	32.5	65.0	157	molybdopterin biosynthesis crx1 protein (molybdenum cofactor biosynthesis enzyme crx1)
1317	4817	1256602	1254737	1886	sp:PRTS_SERMA	Serratia marcescens strain JFO- 3046 prtS	21.1	45.9	738	extraacellular serine protease procurotor
1318	4818	1257087	1257750	664						
1319	4819	1257658	1256851	1008	sp:Y0D3_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1841c	30.8	62.6	334	hypothetical membrane protein
1320	4820	1259265	1257865	1401	sp:Y0D2_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1842c	31.6	60.2	472	hypothetical membrane protein
1321	4821	1259089	1259429	561	sp:PPU249882.2	Pseudomonas putida mobA	27.5	52.3	178	molybdopterin guanine dinucleotide synthase
1322	4822	1261201	1259893	1209	sp:MOEA_ECOLI	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0438c moeA	32.8	58.2	366	molybdopterin biosynthesis protein
1323	4823	1262818	1261688	1131	sp:CNX2_ARATH	Arabidopsis thaliana crx2	51.4	73.7	354	molybdopterin biosynthesis protein
1324	4824	1264810	1262886	1725	sp:ALKK_PSEOL	Pseudomonas oleovorans	38.7	65.7	572	molybdopterin biosynthesis cofactor biosynthesis enzyme
1325	4825	1265142	1267427	2286	sp:RHO_MICLU	Micrococcus luteus rho	50.7	73.8	753	edum-chain fatty acid-CoA ligase rho factor
1326	4826	1265665	1266267	603						
1327	4827	1266306	1265611	696						
1328	4828	1266449	1265427	1023						
1329	4829	1267430	1268503	1074	sp:RF1_ECOLI	Escherichia coli K12 RF-1	41.9	71.9	363	peptide chain release factor 1
1330	4830	1268507	1269343	837	sp:HEMK_ECOLI	Escherichia coli K12	31.1	57.9	280	protoporphyrinogen oxidase
1331	4831	1269040	1268267	774						
1332	4832	1269396	1270043	648	sp:YD01_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1301	62.3	86.0	215	hypothetical protein
1333	4833	1270047	1271192	1146	sp:RFE_ECOLI	Escherichia coli K12 rfe	31.1	58.4	322	undecaprenyl-phosphate alpha-N- acetylglucosaminyltransferase
1334	4834	1271213	1271698	486						
1335	4835	1271671	1272119	249	GPUAB048112.1	Corynebacterium glutamicum atpJ	98.0	99.0	80	hypothetical protein
1336	4836	1272340	1273149	810	sp:ATP8_ECOLI	Escherichia coli K12 atpB	24.1	58.7	245	ATP synthase chain a (protein 6)
1337	4837	1273286	1273525	240	sp:ATPL_STRLI	Streptomyces lividans atpL	54.9	85.9	71	H+-transporting ATP synthase lipid- binding protein ATP synthase C chain
1338	4838	1273559	1274122	564	sp:ATPF_STRLI	Streptomyces lividans atpF	27.8	86.9	151	H+-transporting ATP synthase chain b
1339	4839	1274131	1274843	813	sp:ATPD_STRLI	Streptomyces lividans atpD	34.3	87.2	274	H+-transporting ATP synthase delta chain
1340	4840	1274975	1276848	1674	sp:ATPA_STRLI	Streptomyces lividans atpA	66.9	88.4	518	H+-transporting ATP synthase alpha chain

[0260]

【表51】

第1-51表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッパ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1341	4841	1278708	1277682	975	sp:ATPQ_STRLI	Streptomyces lividans atpQ	48.3	76.6	320	H ⁺ -transporting ATP synthase gamma chain
1342	4842	1277688	1279138	1449	sp:ATPB_CORGL	Corynebacterium glutamicum AS019 atpB	99.8	100.0	483	H ⁺ -transporting ATP synthase beta chain
1343	4843	1279151	1279522	372	sp:ATPE_STRLI	Streptomyces lividans atpE	41.0	73.0	122	H ⁺ -transporting ATP synthase epsilon chain
1344	4844	1279770	1280240	471	sp:Y02W_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1312	38.8	67.4	132	hypothetical protein
1345	4845	1280270	1280959	690	sp:Y036_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1321	70.0	85.7	230	hypothetical protein
1346	4846	1280967	1281251	285	GP:SC26Q5_35	Streptomyces coelicolor A3(2)	45.0	56.0	95	putative ATP/GTP-binding protein
1347	4847	1281714	1281262	463	sp:Y0JC_BACSU	Bacillus subtilis yjcC	35.8	68.7	134	hypothetical protein
1348	4848	1281794	1282105	312	sp:Y020_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1898	54.5	79.2	101	hypothetical protein
1349	4849	1282194	1283114	921	sp:YD24_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1324	37.9	71.4	301	thioredoxin
1350	4850	1283324	1284466	1143	sp:ECO237695_3	Escherichia coli K12 ssuD	50.3	74.3	366	FMN/H2-dependent aliphatic sulfonate monooxygenase
1351	4851	1284517	1285294	769	sp:SSUC_ECOLI	Escherichia coli K12 ssuC	40.8	75.8	240	aliphatic sulfonates transport permease protein
1352	4852	1285302	1286030	729	sp:SSUR_ECOLI	Escherichia coli K12 ssuB	50.4	72.8	228	aliphatic sulfonates transport permease protein
1353	4853	1286043	1286999	957	sp:SSUA_ECOLI	Escherichia coli K12 ssuA	35.1	62.1	311	sulfonate binding protein precursor
1354	4854	1286473	1287281	2193	sp:GLGB_ECOLI	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1326c glbB	48.1	72.7	710	1,4-alpha-glucan branching enzyme (glycogen branching enzyme)
1355	4855	1291007	1289514	1494	sp:AMY3_DICTH	Dictyoglomus thermophilum amyC	22.9	50.5	467	alpha-amylase
1356	4856	1291026	1291373	348						
1357	4857	1291699	1292577	879	sp:FEPO_ECOLI	Escherichia coli K12 fepC	31.8	87.8	211	ferric enterobactin transport ATP-binding protein or ABC transport ATP-binding protein
1358	4858	1293222	1294025	804	pir-G70860	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3040c	39.6	68.5	260	hypothetical protein
1359	4859	1294151	1295208	1056	pir-H70859	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3037c	43.1	70.0	367	hypothetical protein
1360	4860	1295047	1294436	612						
1361	4861	1295435	1296220	766	sp:FXA_RHIME	Rhizobium meliloti fixA	31.2	64.8	244	electron transfer flavoprotein beta-subunit

第1-52 表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッパ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1362	4862	1296253	1297203	951	sp:FIXB_RHME	Rhizobium meliloti fixB	33.1	61.8	335	electron transfer flavoprotein alpha subunit for various dehydrogenases
1363	4863	1296479	1297083	616						
1364	4864	1297212	1298339	1128	sp:NIFS_AZOV1	Azotobacter vinelandii nifS	35.2	67.7	375	nitrogenase cofactor synthesis protein
1365	4865	1298653	1298342	312						
1366	4866	1300146	1299000	1146	sp:Y4ME_RHISN	Rhizobium sp. NGR234 plasmid pNGR234a y4mE	29.5	55.7	397	hypothetical protein
1367	4867	1300369	1300145	225	sp:Y4MF_RHISN	Rhizobium sp. NGR234 plasmid pNGR234a Y4mF	47.5	78.3	59	transcriptional regulator
1368	4868	1300652	1301055	504	sp:YHBS_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 yhbS	34.8	55.3	181	acetyltransferase
1369	4869	1301929	1300988	942						
1370	4870	1303123	1301975	1149						
1371	4871	1303289	1303694	386						
1372	4872	1303829	1304923	1095	pir:C70868	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3024c	61.8	80.9	361	rRNA (5-methylaminomethyl-2-thiouridylate)-methyltransferase
1373	4873	1304538	1303883	654						
1374	4874	1304932	1305921	980	pir:B70857	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3015c	33.7	66.0	332	hypothetical protein
1375	4875	1307384	1305924	1481	sp:TCMA_STRGA	Streptomyces glaucescens tmA	30.2	65.8	500	tetracycline C resistance and export protein
1376	4876	1308196	1307462	735						
1377	4877	1308330	1310369	2040	sp:DNLJ_RHOMR	Rhodothermus marinus drJ	42.6	70.6	677	DNA ligase (polydeoxyribonucleotide synthase [NAD+])
1378	4878	1311097	1310435	663	pir:H70856	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3013	40.0	70.9	220	hypothetical protein
1379	4879	1311320	1311816	287	sp:QATC_STRCO	Streptomyces coelicolor A3(2) gatC	53.0	64.0	87	glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit C
1380	4880	1311625	1313115	1491	sp:GATA_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv gatA	74.0	83.0	484	glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit A
1381	4881	1313270	1314118	848	sp:VJUB_VIBVU	Vibrio vulnificus viiB	28.1	54.0	283	vibriobactin utilization protein / iron-chelator utilization protein
1382	4882	1314775	1314470	306	sp:SCE6_24	Streptomyces coelicolor A3(2) SCE6_24	46.9	79.2	98	hypothetical membrane protein
1383	4883	1315013	1316083	1071	sp:PFP_AMEYE	Amoebalopsis methanica pfp	54.6	77.9	358	pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase
1384	4884	1315954	1315325	630						

[0262]

【表53】

第1-83表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致性 (aa)	機能
1385	4885	1316338	1317444	1107	sp:CPA_BACME	Bacillus megaterium ccpA	31.4	31.4	328	glucose-resistance amylase regulator (catabolite control protein)
1386	4886	1317434	1319005	1572	sp:RBSA_ECOLI	Escherichia coli K12 rbsA	44.7	78.2	499	ribose transport ATP-binding protein
1387	4887	1318005	1319878	972	sp:RBSA_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1855 rbsC	45.8	76.9	329	high affinity ribose transport protein
1388	4888	1320001	1320942	942	sp:RBSB_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1855 rbsB	45.9	77.7	305	periplasmic ribose-binding protein
1389	4889	1320952	1321320	369	sp:RBSB_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1855 rbsD	41.7	88.4	139	high affinity ribose transport protein
1390	4890	1321478	1322111	636	sp:YMW2_YEAST	Saccharomyces cerevisiae YIR042c	31.0	58.0	200	hypothetical protein
1391	4891	1322393	1323406	1014	sp:SCF34_13	Streptomyces coelicolor SCF34.13c	31.4	60.2	354	iron-siderophore binding lipoprotein
1392	4892	1323533	1324537	1005	sp:NTCI_RAT	Rattus norvegicus (Rat) NTCI	35.8	81.9	298	Na ⁺ -dependent bile acid transporter
1393	4893	1324778	1326256	1479	sp:W61467	Staphylococcus aureus WHU 29 rbsB	43.1	71.8	485	RNA-dependent amidotransferase B
1394	4894	1326378	1327049	672	sp:F4RE_METJA	Methanococcus jannaschii MJ1501 f4re	32.8	61.1	172	putative F420-dependent NADH reductase
1395	4895	1330987	1329881	1077	sp:YQJG_ECOLI	Escherichia coli K12 yqjG	39.8	68.9	317	hypothetical protein
1396	4896	1331102	1331875	774	pir-A70672	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2972c	39.3	62.4	234	hypothetical protein
1397	4897	1331953	1333008	1056	pir-H70855	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3005c	27.4	52.0	325	hypothetical membrane protein
1398	4898	1332424	1333188	237						
1399	4899	1335280	1333442	1839	sp:AJ012293.1	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 ilvD	99.2	99.4	613	dihydroxy-acid dehydratase
1400	4900	1335975	1335412	584	pir-G70856	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3004	33.3	68.8	105	hypothetical protein
1401	4901	1337567	1338095	1473	sp:YTLV_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 viiV	100.0	100.0	62	hypothetical membrane protein
1402	4902	1338609	1338379	231	QP-SSU18930.28 3	Sulfolobus solfataricus	45.0	55.0	66	hypothetical protein
1403	4903	1342072	1342877	808	sp:NRTD_SYNPT	Synechococcus sp. nrtD	50.9	80.8	187	nitrate transport ATP-binding protein
1404	4904	1342457	1341980	499	sp:MALK_ENTAE	Enterobacter aerogenes (Aerobacter aerogenes) malK	46.0	78.2	87	maltose/maltodextrin transport ATP-binding protein
1405	4905	1342727	1342461	267	sp:NRTA_ANASP	Anabaena sp. strain PCC 7120 nrtA	28.1	58.8	324	nitrate transporter protein
1406	4906	1343675	1342754	882						

【0263】

【表54】

第1-54 表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1407	4907	1344018	1344404	447						
1408	4908	1344440	1344808	369						
1409	4909	1344935	1345420	486	sp:DM6_STRGO	Streptomyces coelicolor	39.4	73.2	142	actinorhodin polyketide dimerase
1410	4910	1345488	1346439	954	sp:CZCD_ALCEU	Ralstonia eutropha czcd	39.1	72.7	304	cobalt-zinc-cadmium resistance protein
1411	4911	1345487	1345335	153						
1412	4912	1346331	1345842	490						
1413	4913	1346458	1348272	1815	sp:Y688_METJA	Methanococcus jannaschii	22.9	53.7	642	hypothetical protein
1414	4914	1348334	1350076	1743	gsp:Y22846	Bravibacterium finium ssaA	99.8	100.0	530	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase
1415	4915	1350855	1352444	1590	SP:YEN1_SCHPO	Schizosaccharomyces pombe SPAC11Q7.01	29.0	52.0	105	hypothetical serine-rich protein
1416	4916	1352053	1351727	327						
1417	4917	1352585	1353451	867						
1418	4918	1355801	1354540	1082						
1419	4919	1355889	1357554	1866	pir:T04476	Rhodobacter capsulatus strain SB1003	32.9	63.1	620	hypothetical protein
1420	4920	1358452	1358853	402						
1421	4921	1357557	1358210	654						
1422	4922	1358259	1358082	804	sp:HPCE_ECOLI	Escherichia coli C hpcE	33.3	69.2	228	homoprotocatechuate catabolism bifunctional isomerase/decarboxylase (includes: 2-hydroxyhepta-2,4-diene-1,7-dioate isomerase(hdd isomerase); 6-carboxymethyl-2-oxo-hex-3-ene-1,7-dioate decarboxylase(hoet decarboxylase))
1423	4923	1359052	1359089	618	sp:UBIQ_ECOLI	Escherichia coli K12	23.4	55.7	192	methyltransferase or 3-demethylubiquinone-9 3-O-methyltransferase
1424	4924	1361295	1360188	1128	sp:DHBC_BAGSU	Bacillus subtilis dhbc	38.0	70.4	371	isochlorismate synthase
1425	4925	1361361	1362848	1488	sp:SYE_BAGSU	Bacillus subtilis gix	37.3	69.7	485	glutaryl-tRNA synthetase
1426	4926	1363138	1363828	213	sp:SCJ33_10	Streptomyces coelicolor A3(2)	77.0	90.0	87	transcriptional regulator
1427	4927	1363657	1363142	516						
1428	4928	1364253	1363732	522						
1429	4929	1364816	1365256	342						
1430	4930	1364960	1364340	621						
1431	4931	1365180	1364878	303						
1432	4932	1365396	1365217	180						
1433	4933	1365808	1366137	330						
1434	4934	1367293	1367505	213						
1435	4935	1368070	1367868	183						

【0264】

【表55】

第1-55 表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1436	4936	1368078	1368399	318						
1437	4937	1368400	1369551	1152						
1438	4938	1369551	1369874	324						
1439	4939	1371637	1369877	1761	sp:THIC_BACSU	Bacillus subtilis thA or thC	65.1	81.0	599	thiamin biosynthesis protein
1440	4940	1372326	1371979	348						
1441	4941	1372801	1373131	531						
1442	4942	1373798	1373929	132	GSP-Y37857	Chlamydia trachomatis	81.0	74.0	44	lipoprotein
1443	4943	1374558	1375481	826						
1444	4944	1375776	1373350	2427	sp:PHSI_RAT	Rattus norvegicus (Rat)	44.2	74.0	797	glycogen phosphorylase
1445	4945	1375987	1375805	183						
1446	4946	1376088	1376933	186						
1447	4947	1377555	1378149	1407	sp:YRKH_BACSU	Bacillus subtilis yRKH	25.4	52.8	299	hypothetical protein
1448	4948	1378415	1377688	750	sp:Y441_METJA	Methanococcus jannaschii Y441	25.4	64.8	256	hypothetical membrane protein
1449	4949	1378942	1378468	477						
1450	4950	1379003	1379566	564	sp:SPOT_ECOLI	Escherichia coli K12 spoT	29.8	60.1	178	guanosine 3',5'-bis(diphosphate) 3'-pyrophosphatase
1451	4951	1380259	1379555	705	sp:ICLR_ECOLI	Escherichia coli K12 iclR	28.1	60.7	257	acetate repressor protein
1452	4952	1380440	1381882	1443	sp:LEU2_ACTT1	Actinoplanes telchomyceticus leu2	68.1	87.5	473	3-isopropylmalate dehydratase large subunit
1453	4953	1381802	1382492	591	sp:LEUD_SALTY	Salmonella typhimurium	67.7	89.2	195	3-isopropylmalate dehydratase small subunit
1454	4954	1382819	1382502	318						
1455	4955	1383798	1382845	954	sp:MLCB637_35	Mycobacterium tuberculosis H37Rv MLCB637.35c	45.9	71.4	284	mutator mutT protein (7,8-dihydro-8-oxoquinoline-triphosphatase)(8-oxo-dGTPase)(dGTP pyrophosphohydrolase)
1456	4956	1383930	1384085	156						
1457	4957	1384130	1385125	996	sp:GPDA_BACSU	Bacillus subtilis gpdA	46.0	72.2	331	NAD(P)H-dependent dihydroxyacetone phosphate reductase
1458	4958	1385153	1386232	1080	sp:DDLA_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 ddIA	40.4	67.4	374	D-alanine-D-alanine ligase
1459	4959	1387270	1386293	978						
1460	4960	1387332	1386124	993	sp:THIL_ECOLI	Escherichia coli K12 thilL	32.2	57.6	335	thiamin pyrophosphate kinase
1461	4961	1388312	1389073	762	sp:UNG_MOUSE	Mus musculus ung	38.8	59.8	245	uracil-DNA glycosylase precursor
1462	4962	1389208	1390768	1561	sp:Y369_MYCOE	Mycoplasma genitalium (SGO3) MG369	23.1	58.3	508	hypothetical protein
1463	4963	1390798	1392916	2121	sp:RECO_ECOLI	Escherichia coli K12 recG	35.4	60.0	693	ATP-dependent DNA helicase
1464	4964	1391961	1391638	324	GSP-Y73303	Neisseria meningitidis	31.0	48.0	108	polypeptides predicted to be useful antigens for vaccines and diagnostics

[0265]

【表56】

第1-56表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1465	4965	1392939	1393151	213	sp:BCOP_PROFR	Propionibacterium freudenreichii subsp. Shermanii	38.8	67.2	67	biotin carboxyl carrier protein
1466	4966	1393154	1393735	582	sp:YHHE_ECOLI	Escherichia coli K12 yhfF	37.1	63.5	167	methylase
1467	4967	1393742	1394221	480	sp:XDTB_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 kdtB	42.6	78.7	155	lipopolysaccharide core biosynthesis protein
1468	4968	1394854	1395933	1080						
1469	4969	1394894	1395097	204	QSP:Y75358	Neisseria gonorrhoeae	67.0	74.0	65	Neisserial polypeptides predicted to be useful antigens for vaccines and diagnostics
1470	4970	1395549	1394800	750	sp:GLNQ_BACST	Bacillus stearotheophilus glnQ	56.4	78.6	252	ABC transporter or glutamine ABC transporter, ATP-binding protein
1471	4971	1396410	1395588	843	sp:NOCM_AGRIS	Agrobacterium tumefaciens nocM	32.7	75.0	220	nodaline transport protein
1472	4972	1397421	1396581	861	sp:QLNH_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 glnH	27.4	59.0	234	glutamine-binding protein precursor
1473	4973	1397662	1398468	807						
1474	4974	1399534	1398557	978	plc:H09160	Methanobacterium thermoautotrophicum MTH465	28.6	60.3	322	hypothetical membrane protein
1475	4975	1400326	1401333	408						
1476	4976	1400940	1400185	756	sp:VINT_BPL54	Bacteriophage L54a vint	26.9	52.5	223	phage integrase
1477	4977	1401333	1402076	744						
1478	4978	1402272	1402703	432						
1479	4979	1402874	1402368	507						
1480	4980	1403128	1403891	864						
1481	4981	1403997	1404215	219	plc:S60890	Corynebacterium glutamicum orf2	88.5	96.2	26	insertion element (IS3 related)
1482	4982	1404885	1404694	192	PIR:S60890	Corynebacterium glutamicum	88.0	97.0	37	hypothetical protein
1483	4983	1406174	1405320	855						
1484	4984	1407109	1406999	111						
1485	4985	1407535	1407167	368						
1486	4986	1407873	1407559	315						
1487	4987	1409023	1408703	321						
1488	4988	1409802	1409428	375						
1489	4989	1411011	1410064	948						
1490	4990	1411424	1411119	306						
1491	4991	1412000	1411437	564						
1492	4992	1412351	1412572	222						
1493	4993	1412918	1412828	291						
1494	4994	1413745	1418459	2715	sp:DPO1_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis pdaA	56.3	60.8	896	DNA polymerase I

【表57】

第1-57表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一級基 (aa)	機能
1495	4995	1417883	1416482	1422	sp:CMCT_NOCLA	Streptomyces lactandurans emcT	33.8	87.8	458	cephamycin export protein
1496	4996	1417962	1418870	909	sp:SCJ9A_15	Streptomyces coelicolor A3(2)	41.3	65.4	283	DNA-binding protein
1497	4997	1418878	1419748	873	sp:MORA_PSEPU	Streptomyces coelicolor A3(2)	41.3	65.4	283	DNA-binding protein
1498	4998	1420038	1418878	159	sp:MORA_PSEPU	Streptomyces coelicolor A3(2)	41.3	65.4	283	DNA-binding protein
1499	4999	1420724	1420071	654	sp:YAFE_ECOLI	Streptomyces coelicolor A3(2)	41.3	65.4	283	DNA-binding protein
1500	5000	1421089	1422556	1468	sp:YAFE_ECOLI	Streptomyces coelicolor A3(2)	41.3	65.4	283	DNA-binding protein
1501	5001	1422571	1421098	1478	sp:YAFE_ECOLI	Streptomyces coelicolor A3(2)	41.3	65.4	283	DNA-binding protein
1502	5002	1425279	1425878	600	sp:YACE_BRELA	Brevibacterium lactofermentum ATCC 13889 yacE	80.5	93.9	195	hypothetical protein
1503	5003	1426257	1427354	1098						
1504	5004	1427867	1427378	582						
1505	5005	1428049	1427804	246						
1506	5006	1428280	1428246	857						
1507	5007	1429159	1428224	936	sp:JUNH_LRIFA	Griffithia fasciculata lunH	61.9	81.0	310	inosine-uridine preferring nucleoside hydrolase (purine nucleosidase)
1508	5008	1430842	1429194	1449	sp:QACA_STAAU	Staphylococcus aureus	23.8	53.8	517	antiseptic resistance protein
1509	5009	1431579	1430659	921	sp:RBSK_ECOLI	Escherichia coli K12 rbsK	35.5	67.8	293	ribose kinase
1510	5010	1432612	1431575	1038	sp:ASCQ_ECOLI	Escherichia coli K12 ascQ	30.0	65.6	337	cripA aso operon repressor, ranscription regulator
1511	5011	1432750	1433547	798						
1512	5012	1434105	1438201	2097	sp:UVRB_STRPN	Streptococcus pneumoniae plasmid pSB470 uvrB	57.4	83.3	671	exonuclease ABC subunit B
1513	5013	1436335	1436775	441	sp:Y531_METJA	Methanococcus jannaschii MJ0531	33.6	59.2	152	hypothetical protein
1514	5014	1437249	1438868	381	sp:YTFH_ECOLI	Escherichia coli K12 ytfH	38.8	80.2	121	hypothetical protein
1515	5015	1437356	1438201	846	sp:YTFG_ECOLI	Escherichia coli K12 ytfG	53.8	77.1	279	hypothetical protein
1516	5016	1439343	1440026	684						
1517	5017	1440560	1438212	2349	sp:H70040	Bacillus subtilis yveS	23.2	47.2	839	hypothetical protein
1518	5018	1441588	1440675	912	sp:SC9H11_26	Streptomyces coelicolor A3(2)	32.7	68.0	150	hypothetical protein
1519	5019	1442392	1441793	600	sp:YCBL_ECOLI	Escherichia coli K12 ycbL	30.4	58.4	214	hydrolase
1520	5020	1442487	1445333	2847	sp:UVRA_ECOLI	Escherichia coli K12 uvrA	56.2	80.6	952	excinuclease ABC subunit A
1521	5021	1444115	1443810	306	PIR-J00406	Micrococcus luteus	40.0	57.0	100	hypothetical protein 1246 (uvrA region)
1522	5022	1445393	1443944	450	PIR-J00408	Micrococcus luteus	31.0	47.0	142	hypothetical protein 1246 (uvrA region)
1523	5023	1446158	1448874	717						

第1-58 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致量 (aa)	機能
1524	5024	1447446	1448323	2124	sp:IF3_RHO3H	Rhodospirillum rubrum	92.5	78.2	179	translation initiation factor IF-3
1525	5025	1447792	1448358	587	sp:RL36_MYCFE	Mycobacterium fortuitans	41.7	78.7	80	50S ribosomal protein L35
1526	5026	1448360	1448581	192	sp:RL20_PSESY	Pseudomonas syringae pv. syringae	75.0	92.7	117	50S ribosomal protein L20
1527	5027	1448645	1449025	381						
1528	5028	1448940	1449119	822						
1529	5029	1450128	1450692	567						
1530	5030	1450918	1451820	903	sp:UGPA_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655	33.2	71.6	292	sn-glycerol-3-phosphate transport system permease protein
1531	5031	1451820	1452853	834	sp:UOPE_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655	33.3	70.4	270	sn-glycerol-3-phosphate transport system protein
1532	5032	1452758	1454071	1314	sp:UQPB_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655	28.6	57.8	438	sn-glycerol-3-phosphate transport system permease protein
1533	5033	1454115	1455038	1224	sp:UQPO_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655	44.0	71.3	393	sn-glycerol-3-phosphate transport ATP-binding protein
1534	5034	1454350	1454102	249	PIRE2756	Aeropyrum pernix K1 APE0042	47.0	58.0	74	hypothetical protein
1535	5035	1456066	1455350	717	sp:GLPQ_BACSU	Bacillus subtilis spQ	26.2	50.0	244	glycerophosphoryl diester phosphodiesterase
1536	5036	1456355	1456848	594	sp:TRMH_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655	34.0	71.2	153	tRNA(guanosine-2'-O)-methyltransferase
1537	5037	1457047	1458060	1020	sp:SYFA_BACSU	Bacillus subtilis 168 syA				phenylalanyl-tRNA synthetase alpha chain
1538	5038	1458133	1460018	2484	sp:SYFB_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 syB	42.6	71.7	343	phenylalanyl-tRNA synthetase beta chain
1539	5039	1458966	1458196	771						
1540	5040	1461157	1462128	972	sp:ESTA_STRSC	Streptomyces scabies esta	28.5	55.1	363	esterase
1541	5041	1462134	1463516	1383	sp:MDMB_STRMY	Streptomyces mycarofaciens mdmB	30.0	58.3	423	macrolide 3-O-acyltransferase
1542	5042	1463533	1463934	402						
1543	5043	1464083	1465123	1041	sp:AF005242.1	Corynebacterium glutamicum AS019 argC	98.3	99.1	347	N-acetylglutamate-5-semialdehyde dehydrogenase
1544	5044	1465210	1466373	1164	sp:ARQJ_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 argJ	99.5	99.7	388	glutamate N-acetyltransferase
1545	5045	1467376	1468548	1173	sp:ARGD_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 argD	99.0	99.2	391	acetylornithine aminotransferase
1546	5046	1470211	1471413	1203	sp:ASSY_CORGL	Corynebacterium glutamicum AS019 argG	99.5	99.5	401	argininosuccinate synthetase
1547	5047	1471362	1470154	1209						

【0268】

【表59】

第1-59 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1548	5048	1471477	1472807	1431	sp:AF048784.1	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ASO19 argH	83.3	90.0	478	argininosuccinate lyase
1549	5049	1472877	1474119	1143						
1550	5050	1474119	1475683	1575						
1551	5051	1475683	1476294	812						
1552	5052	1476343	1476519	177	sp:YQAR.ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 year	48.0	72.0	50	hypothetical protein
1553	5053	1476550	1477809	1260	sp:SYV1.BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> eyf1	48.4	76.6	417	tyrosyl-tRNA synthase (tyrosine-tRNA ligase)
1554	5054	1478393	1477929	465	sp:Y531.METJA	<i>Methanococcus jannaschii</i> MJ0531	26.9	64.4	149	hypothetical protein
1555	5055	1478892	1478503	390						
1556	5056	1483475	1483335	141	PIR-F81737	<i>Chlamydia muridarum</i> Nigg TC00128	71.0	75.0	42	hypothetical protein
1557	5057	1483998	1483724	273	OSP-Y35814	<i>Chlamydia pneumoniae</i>	61.0	66.0	84	hypothetical protein
1558	5058	1484675	1486027	1353	sp:IF2.BORBU	<i>Borrelia burgdorferi</i> IF2	36.3	67.0	182	translation initiation factor IF-2
1559	5059	1486042	1487025	984	sp:YZGD.BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> YZGD	29.6	60.1	311	hypothetical protein
1560	5060	1487032	1487193	162						
1561	5061	1487238	1488058	819	sp:YQXC.BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> yqxc	36.5	63.6	280	hypothetical protein
1562	5062	1488146	1488018	873	sp:YFJB.HAEIN	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv1695	31.6	31.6	225	hypothetical protein
1563	5063	1489103	1490881	1779	sp:RECN.ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 recN	31.4	63.4	574	DNA repair protein
1564	5064	1490944	1492134	1191	pir-H70502	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv1697	41.9	73.1	394	hypothetical protein
1565	5065	1492147	1493109	963	pir-A70503	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv1698	30.4	68.1	313	hypothetical protein
1566	5066	1493513	1495174	1662	sp:PYRG.ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 pyrg	55.0	76.7	549	GTP synthase (UTP-ammonia ligase)
1567	5067	1495205	1495861	657	sp:YQXC.BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> yqxc	36.3	71.3	151	hypothetical protein
1568	5068	1495861	1496772	912	sp:AF083548.1	<i>Staphylococcus aureus</i> xerD	39.7	71.7	300	tyrosine recombinase
1569	5069	1498324	1498795	1530	sp:TLRC.STRFR	<i>Streptomyces fradiae</i> tirC	30.5	59.7	551	tyrosin resistance ATP-binding protein chromosome partitioning protein or ATPase involved in active partitioning of diverse bacterial plasmids
1570	5070	1498863	1499645	763	sp:CCU87604.4	<i>Quilobacter crescentus</i> parA	44.6	73.6	268	ATPase involved in active partitioning of diverse bacterial plasmids
1571	5071	1499931	1500695	765	sp:YPIUG.BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> ypiUG	28.3	64.5	251	hypothetical protein
1572	5072	1501471	1502911	561						
1573	5073	1501710	1502576	867	sp:AF109156.1	<i>Datisca glomerata</i> tat	35.6	67.0	270	thiosulfate sulfotransferase
1574	5074	1502634	1503176	543	sp:YPIUH.BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> ypiUH	33.1	65.7	172	hypothetical protein
1575	5075	1503483	1504238	756	sp:PLUB.BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> rluB	43.9	72.5	229	ribosomal large subunit pseudouridine synthase B

【0269】

【表60】

第1-60 表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッシュ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1576	5076	1504256	1504945	690	sp:KGY_BAGSU	Bacillus subtilis emk	38.6	73.6	220	oxidative kinase
1577	5077	1505017	1505375	1557	sp:YPHC_BAGSU	Bacillus subtilis yphC	42.8	74.0	435	GTP binding protein
1578	5078	1507327	1506662	866						
1579	5079	1507802	1507405	498						
1580	5080	1508729	1507917	813	sp:YX42_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis Rv3342	36.2	67.2	232	methyltransferase
1581	5081	1508813	1510366	1554	prf2513302B	Corynebacterium striatum M82B telA	29.7	60.1	499	ABC transporter
1582	5082	1510366	1512132	1767	prf2513302A	Corynebacterium striatum M82B telB	31.2	59.3	602	ABC transporter
1583	5083	1511667	1510843	826	sp:YQIE_ECOLI	Escherichia coli K12 yqIE	39.7	73.2	257	hypothetical membrane protein
1584	5084	1512189	1512977	789	sp:AB029555.1	Bacillus subtilis ATCC 9372 nhaG	25.7	61.5	499	Na ⁺ /H ⁺ antiporter
1585	5085	1514505	1514693	189	sp:YCHJ_ECOLI	Escherichia coli K12 o24899 ychJ	38.9	57.7	130	hypothetical protein
1586	5086	1514827	1512980	1548	prf2513302A	Archaeoglobus fulgidus AF0675	25.2	63.8	210	2-hydroxy-6-oxohepta-2,4-dienosate hydrolase
1587	5087	1516169	1514974	188	sp:SECA_BAGSU	Bacillus subtilis seCA	35.2	61.7	805	preprotein translocase SecA subunit
1588	5088	1515396	1515815	420	sp:AF173844.2	Mycobacterium smegmatis garA	75.8	93.2	132	signal transduction protein
1589	5089	1515782	1515408	375	sp:Y0DF_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1828	41.9	74.4	234	hypothetical protein
1590	5090	1516962	1515799	1164	sp:Y0DE_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1828	30.8	63.2	133	hypothetical protein
1591	5091	1517170	1519458	2289	sp:Y0DE_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1828	71.4	84.3	178	hypothetical protein
1592	5092	1519601	1520029	429						
1593	5093	1520190	1520945	756						
1594	5094	1520957	1521589	633						
1595	5095	1521771	1522343	573						
1596	5096	1522841	1522432	510						
1597	5097	1524500	1523052	1449						
1598	5098	1525374	1525973	600						
1599	5099	1525497	1524568	930						
1600	5100	1526634	1525473	1082	sp:YHDP_BAGSU	Bacillus subtilis yhpD	33.8	69.0	342	hemolysin
1601	5101	1527913	1526534	1380	sp:YHDT_BAGSU	Bacillus subtilis yhdT	31.4	65.5	65	hemolysin
1602	5102	1527968	1528180	219						
1603	5103	1529330	1527987	1344	sp:TTHERAGEN	Thermus thermophilus hcrA	41.2	69.5	374	DEAD box RNA helicase
1604	5104	1529488	1530220	735	sp:YD48_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1348	34.3	66.1	245	ABC transporter ATP-binding protein
1605	5105	1531818	1530341	1476	sp:WZ7013	Brevibacterium flavum	89.0	99.2	492	6-phosphogluconate dehydrogenase

【0270】

【表61】

第1-61 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1606	5106	1531933	1532394	462	pir-G70604	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1847	39.7	67.8	121	thioesterase
1607	5107	1532322	1532996	675						
1608	5108	1533041	1533781	741	sp:NOD1_RHIS3	Rhizobium sp. N33 nod	39.8	68.1	235	modulation ATP-binding protein I
1609	5109	1533781	1534521	741	pir-E70501	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1688c	43.1	76.3	232	hypothetical membrane protein
1610	5110	1535401	1535429	29	sp:YFHH_ECOLI	Escherichia coli K12 yfhH	26.7	63.9	277	transcriptional regulator
1611	5111	1535827	1535382	556	sp:PHNE_ECOLI	Escherichia coli K12 phnE	29.9	63.4	281	phosphonates transport system permease protein
1612	5112	1537030	1538227	804	sp:PHNE_ECOLI	Escherichia coli K12 phnE	27.2	62.3	268	phosphonates transport system permease protein
1613	5113	1537833	1537030	804	sp:PHNC_ECOLI	Escherichia coli K12 phnC	44.8	72.0	250	phosphonates transport ATP-binding protein
1614	5114	1538759	1538968	210						
1615	5115	1538919	1537870	1050						
1616	5116	1539684	1538983	702						
1617	5117	1541403	1539820	1584	sp:THID_SALTY	Salmonella typhimurium thid	47.3	70.2	262	phosphomethylpyrimidine kinase
1618	5118	1542922	1542119	804	sp:THIM_SALTY	Salmonella typhimurium LT2 thim	48.6	77.5	249	hydroxyethylthiazole kinase
1619	5119	1544976	1546289	1314	pir-H70830	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1841	28.6	55.0	451	cyclopropane-fatty-acyl-phospholipid synthase
1620	5120	1547692	1546307	1386	pir-Z223339B	Burkholderia cepacia Pc701 mopB	32.5	66.9	468	sugar transporter or 4-methyl-oxophthalate/phthalate permease
1621	5121	1548440	1547867	474	pir-F2120352B	Thermus flavus AT-82 ppt	38.5	59.0	156	purine phosphoribosyltransferase
1622	5122	1548851	1549349	598	sp:YEEN_ECOLI	Escherichia coli K12 yeeN	38.8	68.5	208	hypothetical protein
1623	5123	1549403	1550398	996	sp:AF178758.2	Sinorhizobium sp. As4 arsB	23.3	54.6	381	arsenic oxyanion-translocation pump membrane subunit
1624	5124	1550469	1550951	483						
1625	5125	1551545	1552237	693	sp:SCI7_33	Streptomyces coelicolor A3(2) SCI7_33	62.2	83.8	222	hypothetical protein
1626	5126	1552518	1553972	1455	sp:PSTRITETC1.0	Pseudomonas sp. R9 ORFA	51.6	83.6	489	sulfate permease
1627	5127	1553722	1553297	426	GP-PSTRITETC1.0	Pseudomonas sp. R9 ORFG	39.0	50.0	97	hypothetical protein
1628	5128	1554684	1554070	615						
1629	5129	1554881	1555067	207						
1630	5130	1555079	1554891	189						
1631	5131	1555835	1555086	750						
1632	5132	1556376	1556771	396	pir-A70945	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2050	71.8	87.3	110	hypothetical protein

第1-61表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1606	5106	1531933	1532394	462	pir-G70664	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1847	39.7	67.8	121	thioesterase
1607	5107	1532322	1532966	645						
1608	5108	1533041	1533781	741	sp:NOD1_RHIS3	Rhizobium sp. N33 nod	39.6	68.1	235	modulation ATP-binding protein I
1609	5109	1533781	1534521	741	pir-E70501	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1886c	43.1	76.3	232	hypothetical membrane protein
1610	5110	1535401	1534529	873	sp:YFHH_ECOLI	Escherichia coli K12 yfH	28.7	63.9	277	transcriptional regulator
1611	5111	1536227	1535382	846	sp:PHNE_ECOLI	Escherichia coli K12 phnE	29.9	63.4	281	phosphonates transport system permease
1612	5112	1537030	1538227	804	sp:PHNE_ECOLI	Escherichia coli K12 phnE	27.2	62.3	268	phosphonates transport system permease
1613	5113	1537833	1537030	804	sp:PHNE_ECOLI	Escherichia coli K12 phnE	44.8	72.0	250	phosphonates transport ATP-binding
1614	5114	1538759	1538968	210						
1615	5115	1538919	1537870	1050						
1616	5116	1539664	1538963	702						
1617	5117	1541403	1538820	1584	sp:THID_SALTY	Salmonella typhimurium thid	47.3	70.2	262	phosphomethylhydrazimidine kinase
1618	5118	1542922	1542119	804	sp:THIM_SALTY	Salmonella typhimurium LT2 thim	48.6	77.5	249	hydroxyethylthiazole kinase
1619	5119	1544976	1543289	1314	pir-H70830	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1847	28.6	55.0	451	cyclopropane fatty-acyl-phospholipid
1620	5120	1547892	1546307	1386	prf22233398	Burkholderia cepacia Pc701 mopB	32.5	66.9	468	sugar transporter or 4-methyl-o-
1621	5121	1548440	1547867	474	prf2120352B	Thermus flavus AT-92 gpt	36.5	59.0	156	phthalate/phthalate permease
1622	5122	1548651	1548348	698	sp:YEBN_ECOLI	Escherichia coli K12 yebN	39.8	68.5	208	purine phosphoribosyltransferase
1623	5123	1548403	1550398	996	sp:AF178758.2	Sinorhizobium sp. As4 arsB	23.3	54.6	381	hypothetical protein
1624	5124	1550469	1550851	483						arsenic oxanion-translocation pump
1625	5125	1551545	1552237	693	sp:SC17_33	Streptomyces coelicolor A3(2)	62.2	83.8	222	membrane subunit
1626	5126	1552518	1553972	1455	sp:PSTR1ETC1.6	Pseudomonas sp. R8 ORFA	51.6	83.6	489	hypothetical protein
1627	5127	1553722	1553287	466	sp:PSTR1ETC1.6	Pseudomonas sp. R8 ORFG	39.0	50.0	97	hypothetical protein
1628	5128	1554684	1554070	615						
1629	5129	1554881	1555087	207						
1630	5130	1555078	1554891	189						
1631	5131	1555835	1555086	750						
1632	5132	1556376	1556771	396	pir-A70945	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2050	71.8	87.3	110	hypothetical protein

第1-62 表

配列番号 (アミノ酸)	配列番号 (nt)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1633	5133	1557823	1557014	810	prf231.7468A	Schizosaccharomyces pombe dpm1	39.2	71.0	217	dicolich phosphate mannose synthase
1634	5134	1559493	1557859	1635	sp.LNT_ECOLI	Escherichia coli K12 int.	25.1	55.6	521	epolipoprotein N-acyltransferase
1635	5135	1560237	1559497	741						
1636	5136	1561660	1560437	1224	ep.AFI88894.1	Candida albicans lip1	23.7	55.6	392	secretory lipase
1637	5137	1561780	1562663	774	pir-C70764	Mycobacterium tuberculosis H37Rv cobQ	31.3	58.7	261	precorrin 2 methyltransferase
1638	5138	1563802	1562525	1278	sp.COBL_PSEDE	Pseudomonas dohrniferae SC510 cobL	32.4	60.8	411	precorrin-6Y C5, 15-methyltransferase
1639	5139	1563872	1564237	366						
1640	5140	1564237	1564482	246						
1641	5141	1565302	1564565	738	sp.YY12_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV2412	54.1	75.4	244	oxidoreductase
1642	5142	1566438	1565302	1137	ep.AF014460.1	Streptococcus mutans LT11 pepQ	38.1	61.3	382	dipeptidase or X-Pro dipeptidase
1643	5143	1566468	1567108	639						
1644	5144	1569903	1567117	2787	sp.MTR4_YEAST	Saccharomyces cerevisiae YJL050W dob1	26.5	55.7	1030	ATP-dependent RNA helicase
1645	5145	1570933	1569932	1002	ep.TATC_ECOLI	Escherichia coli K12 tatC	28.7	62.7	268	sec-independent protein translocase protein
1646	5146	1571382	1571068	315	sp.YY34_MYCLE	Mycobacterium leprae MLCB2533.27	44.7	69.4	85	hypothetical protein
1647	5147	1572488	1571508	981	ep.YY35_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV2095c	31.9	61.2	317	hypothetical protein
1648	5148	1573483	1572492	972	sp.YY36_MYCLE	Mycobacterium leprae MLCB2533.25	32.4	64.8	324	hypothetical protein
1649	5149	1574915	1573481	1425	ep.YY37_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV2097c	53.1	77.3	487	hypothetical protein
1650	5150	1574957	1573205	243						
1651	5151	1575138	1574945	192	pir-B70512	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV2111c	54.1	80.3	61	hypothetical protein
1652	5152	1576947	1575406	1542	pir-C70512	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV2112c	48.6	74.2	516	hypothetical protein
1653	5153	1577327	1577808	480	PIRH172504	Aeropyrum pernix K1 APE2014	42.0	50.0	159	hypothetical protein
1654	5154	1578531	1578051	1581	prf2422382Q	Rhodococcus erythropolis ero	51.6	78.5	546	AAA family ATPase (chaperone-like function)
1655	5155	1579400	1578567	834	pir-S72844	Mycobacterium leprae pimT	57.3	79.0	281	protein-beta-aspartate methyltransferase
1656	5156	1580771	1579449	1323	ep.AF005030.1	Homo sapiens	38.1	67.2	438	aspartyl aminopeptidase

【0272】

【表63】

第1-63 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長さ (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致率 (aa)	機能
1657	5157	1580807	1581940	834	pir-B70513	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2119	43.4	71.4	289	hypothetical protein
1658	5158	1581851	1582114	264	sp:VAPL8ACHO	Dielisbacter nodosus A189 vapl	40.6	72.5	89	virulence-associated protein
1659	5159	1582481	1582723	1209	pir-F2513288A	Staphylococcus aureus nraA23	21.8	81.0	385	quorum-sensing protein
1660	5160	1586480	1583913	1578	sp:ASPA_COROL	Gorynebacterium glutamicum (Gorynebacterium flavum) MJ233 aspA	99.8	99.8	526	aspartate ammonia-lyase
1661	5161	1586442	1585803	843	sp:AF050186.1	Gorynebacterium glutamicum ASO19 hisG	98.8	97.5	281	ATP phosphoribosyltransferase
1662	5162	1587504	1588812	893	pir-H72277	Thermotoga maritima M688 TM1254	30.8	83.1	195	beta-phosphoglucomutase
1663	5163	1591235	1587573	3663	sp:METH.ECOLI	Escherichia coli K12 meth	31.6	62.4	1254	5-methyltetrahydrofolate-homocysteine methyltransferase
1664	5164	1591343	1591812	570	sp:AHPE_XANCH	Xanthomonas campestris ahpe	22.4	49.5	366	alloy hydroperoxide reductase subunit F
1665	5165	1592968	1591841	1028	sp:BACA.ECOLI	Saccharomyces cerevisiae S288C YPR201W acc3	33.0	63.9	388	arsenate-resistance protein
1666	5166	1593337	1594512	1176	sp:ACR3_YEAST	Staphylococcus aureus plasmid p238 arsC	32.6	64.3	129	arsenate reductase
1667	5167	1594532	1594951	420	sp:ARSC_STAAL	Mycobacterium tuberculosis H37Rv arsC	47.2	75.6	123	arsenate reductase
1668	5168	1595030	1595668	639	pir-Q70964	Escherichia coli K12 oysS	35.9	64.3	387	cysteine-lyase synthetase
1669	5169	1596221	1595844	378	sp:SYG.ECOLI	Escherichia coli K12 becA	37.3	69.4	255	beta-lactam resistance protein
1670	5170	1597460	1596249	1212	sp:BACA.ECOLI	Agrobacterium tumefaciens mocA	33.4	82.6	326	oxalate reductase
1671	5171	1598623	1597745	879	pir-F2214302F	Mycobacterium tuberculosis H37Rv lipL	27.0	53.5	359	lipoprotein
1672	5172	1598667	1599614	948	sp:PYRD_AGRAE	Agrobacterium tumefaciens p388	44.0	67.1	334	dihydroxyacetate dehydrogenase
1673	5173	1599679	1600677	999	sp:PYRD_AGRAE	Agrobacterium tumefaciens p388	44.0	67.1	334	dihydroxyacetate dehydrogenase
1674	5174	1600692	1601804	1113	sp:PYRD_AGRAE	Agrobacterium tumefaciens p388	44.0	67.1	334	dihydroxyacetate dehydrogenase
1675	5175	1602281	1601831	351	sp:PYRD_AGRAE	Agrobacterium tumefaciens p388	44.0	67.1	334	dihydroxyacetate dehydrogenase
1676	5176	1602660	1603468	807	sp:PYRD_AGRAE	Agrobacterium tumefaciens p388	44.0	67.1	334	dihydroxyacetate dehydrogenase
1677	5177	1603520	1604629	1110	sp:PYRD_AGRAE	Agrobacterium tumefaciens p388	44.0	67.1	334	dihydroxyacetate dehydrogenase
1678	5178	1603313	1604830	486	sp:PYRD_AGRAE	Agrobacterium tumefaciens p388	44.0	67.1	334	dihydroxyacetate dehydrogenase
1679	5179	1605811	1605281	531	sp:YBHB.ECOLI	Escherichia coli K12 ybhb	44.1	75.0	152	bio operon ORF 1 (biotin biosynthetic enzyme)
1680	5180	1605981	1606689	729	GSP-Y74829	Neisseria meningitidis	26.0	33.0	198	Neisseria meningitidis predicted to be useful antigens for vaccines and diagnostics

[0273]

[表64]

第1-64 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	ドマツチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1681	5181	1607848	1608248	603						
1682	5182	1607657	1605861	1797	prf2513302A	Gorylobacterium striatum M82B tetB	43.6	88.7	597	ABC transporter
1683	5183	1608087	1609335	249						
1684	5184	1609247	1607861	1587	prf2513302B	Gorylobacterium striatum M82B tetA	38.8	67.1	535	ABC transporter
1685	5185	1610192	1609842	351						
1686	5186	1610236	1610844	609	pir-JU0052	Streptomyces anulatus pac	32.4	56.4	56	puromycin N-acetyltransferase
1687	5187	1612238	1611150	1089	sp:ARGK_ECOLI	Escherichia coli K12 ergK	43.1	72.3	339	LAOlysine, arginine, and ornithine/AO (arginine and ornithine)transport system kinase
1688	5188	1614444	1612234	2211	sp:MUTB_STROM	Streptomyces cinnamonensis A3823.5 mutB	72.2	87.5	741	methylmalonyl-CoA mutase alpha subunit
1689	5189	1616298	1614451	1848	sp:MUTA_STROM	Streptomyces cinnamonensis A3823.5 mutA	41.8	88.2	610	methylmalonyl-CoA mutase beta subunit
1690	5190	1618578	1617300	723	sp:YS13_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1491c	39.7	70.1	224	hypothetical membrane protein
1691	5191	1617398	1617994	597						
1692	5192	1618616	1618321	1298	sp:YS08_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1488	64.1	87.0	370	hypothetical membrane protein
1693	5193	1620106	1619472	435	pir-B70711	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1487	44.7	78.7	141	hypothetical membrane protein
1694	5194	1621006	1620167	843	sp:SOC77_24	Streptomyces coelicolor A3(2) SCC77724	51.0	72.8	261	hypothetical protein
1695	5195	1621058	1621838	783						
1696	5196	1622950	1621841	1110	sp:HEMZ_PROFR	Propionibacterium freudenreichii subsp. Shermanii hamH	38.8	65.7	364	ferrochelatase
1697	5197	1624826	1623027	1800	sp:P54_ENTFC	Streptococcus faecium	25.5	58.5	611	invasin
1698	5198	1625925	1625428	498						
1699	5199	1628279	1629107	2829	pir-F70873	Mycobacterium tuberculosis H37Rv act	69.9	85.9	959	aconitate hydratase
1700	5200	1628298	1629861	564	pir-E70873	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1474c	54.6	81.6	174	transcriptional regulator
1701	5201	1629913	1630668	756	pir-F94496	Methanococcus jannaschii MJ1575 gwaA	21.3	51.9	235	GMP synthetase
1702	5202	1631329	1630687	863	sp:SCD82_4	Streptomyces coelicolor A3(2) SCD8204c	32.6	62.0	221	hypothetical protein

第1-65表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマツチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1703	5203	1831660	1831926	267	pl-E84494	Methanococcus jannaschii MJ1558	37.2	80.2	86	hypothetical protein
1704	5204	1831745	1831353	383						
1705	5205	1831833	1833324	1392	gp-AE002515.9	Neisseria meningitidis MC58 NMB1652	61.2	86.1	446	hypothetical protein
1706	5206	1832588	1832109	480	GSP-Y38838	Neisseria gonorrhoeae ORF24	54.0	60.0	113	antigenic protein
1707	5207	1833137	1832682	456	GSP-Y38838	Neisseria gonorrhoeae	59.0	69.0	152	antigenic protein
1708	5208	1833566	1836241	2676	sp-ATA1_SYNY3	Synechocystis sp. PCC6803 sll1614 pma1	42.6	73.2	883	cation-transporting ATPase P
1709	5209	1834563	1833781	783						
1710	5210	1838732	1836244	489	gp-SC3D11.2	Streptomyces coelicolor A3(2) SC3D11.02c	36.8	58.3	120	hypothetical protein
1711	5211	1837081	1838442	1362						
1712	5212	1839132	1838778	357						
1713	5213	1838365	1839520	156						
1714	5214	1839658	1839817	162						
1715	5215	1839781	1840155	375	pf2408488H	Streptococcus thermophilus phage TP-J34	43.0	73.8	107	host cell surface-exposed lipoprotein
1716	5216	1840548	1841001	458	pf2510481A	Corynebacterium glutamicum 22243 R-plasmid pAG1 trpB	34.4	60.4	154	integrase
1717	5217	1842674	1841048	1829	sp-YJJK_ECOLI	Escherichia coli K12 yjK	32.8	64.4	497	ABC transporter ATP-binding protein
1718	5218	1844218	1842743	1478						
1719	5219	1845499	1844318	1182	sp-NANH_MICV1	Micromonospora viridifaciens ATCC 31146 neda	51.9	72.4	387	salivase
1720	5220	1845681	1846368	708	gp-AF121000.8	Corynebacterium glutamicum 22243 R-plasmid pAG1 trpB	88.8	100.0	236	transposase (S1628)
1721	5221	1845821	1846063	243	GPJAF184958.2	Corynebacterium glutamicum TrpNC	64.0	72.0	37	transposase protein fragment
1722	5222	1845881	1845801	261	GP-NT11TMS.5	Plasmid NTP18	32.0	43.0	88	hypothetical protein
1723	5223	1846549	1847133	585						
1724	5224	1847634	1847212	423	pir-B75015	Pyrococcus abyssi Orsay PAB1087	32.7	70.1	107	dTDP-4-keto-L-rhamnose reductase
1725	5225	1848097	1847651	447	pir-S72754	Mycobacterium leprae MLCL538.24c nrlJ7	63.8	85.2	149	nitrogen fixation protein
1726	5226	1848548	1848709	162	PIRG12508	Aeropyrum pernix K1 APE2025	48.0	57.0	52	hypothetical protein
1727	5227	1849362	1848100	1263	pir-S72781	Mycobacterium leprae nifS	64.7	84.4	411	nitrogen fixation protein
1728	5228	1850122	1849367	756	gp-SCG22.4	Streptomyces coelicolor A3(2) SCC22.04c	70.2	89.3	252	ABC transporter ATP-binding protein

【0275】

【表66】

第1-66表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一対長 (aa)	機能
1729	5229	1851424	1850249	1176	pir-A70872	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1462	55.2	83.0	377	hypothetical protein
1730	5230	1852875	1851433	1443	sp-Y074_SYNY3	Synochrysis sp. PCC6803 sif0074	41.0	73.0	493	ABC transporter
1731	5231	1853588	1852894	693	sp-SCC22.8	Streptomyces coelicolor A3(2) SCC22.08c	48.1	71.4	217	DNA-binding protein
1732	5232	1854043	1855671	1628	pir-F70871	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1459c	38.3	67.8	518	hypothetical membrane protein
1733	5233	1855681	1856700	1020	pir-S72783	Mycobacterium leprae MLCL538.31 abc2	50.2	77.3	317	ABC transporter
1734	5234	1856712	1857615	804	pir-S72778	Mycobacterium leprae MLCL538.32	41.0	74.8	266	hypothetical protein
1735	5235	1857677	1856875	999	pir-C70871	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1456c	43.0	74.8	291	hypothetical protein
1736	5236	1858498	1859140	357						
1737	5237	1859508	1861136	1629	pir-C71158	Pyrococcus horikoshii PH0450	23.4	51.0	418	helicase
1738	5238	1861578	1862552	975	sp-QOR.ECOLI	Escherichia coli K12 per	37.5	70.9	323	quinone oxidoreductase
1739	5239	1863598	1862630	969	sp-NWCOXABQ.3	Nitrobacter winogradskyi coxC	37.6	68.8	285	cytochrome c ubiquinol oxidase assembly factor / heme O synthase
1740	5240	1864403	1866502	2100	sp-AB023377.1	Corynebacterium glutamicum ATCC 31833 tkt	100.0	100.0	675	transketolase
1741	5241	1866673	1867752	1080	sp-TAL_MYCLE	Mycobacterium leprae MLCL538.39 tal	62.0	85.2	358	transaldolase
1742	5242	1867764	1868601	1164						
1743	5243	1867950	1868401	1452	sp-W27612	Brevibacterium flavum	99.8	100.0	484	glucose-6-phosphate dehydrogenase
1744	5244	1868419	1870375	957	pir-A70917	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1446c opcA	40.6	71.7	316	oxopropyl protein (glucose 6-phosphate dehydrogenase assembly protein)
1745	5245	1870395	1871099	705	sp-SOL3_YEAST	Saccharomyces cerevisiae S288C YHR163W sol3	28.7	58.1	258	6-phosphogluconolactonase
1746	5246	1871677	1871273	405	sp-SAOX_BACSN	Bacillus sp. NS-129				
1747	5247	1871723	1873123	1401	sp-AF126281.1	Rhodococcus erythropolis	35.2	57.8	128	sarcosine oxidase
1748	5248	1874105	1873266	840	sp-CGL007732.5	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 soxA	24.6	48.6	500	transposase (S1678)
1749	5249	1877211	1877384	174			100.0	100.0	205	sarcosine oxidase
1750	5250	1878755	1878070	687						
1751	5251	1879148	1880128	981						
1752	5252	1881108	1880332	777	sp-TPIS_CORGL	Corynebacterium glutamicum AS019 ATCC 13059 tpIA	99.2	99.6	259	triose-phosphate isomerase

【0276】

【表67】

第1-67 表

配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1753	5253	1681263	1681670	408	Saccharomyces cerevisiae YCR013c	37.0	51.0	128	probable membrane protein
1754	5254	1682404	1681190	1215	Corynebacterium glutamicum AS019 ATCC 13039 pdk	98.0	98.5	406	phosphoglycerate kinase
1755	5255	1683025	1682624	1002	Corynebacterium glutamicum AS019 ATCC 13039 gap	99.1	99.7	333	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase
1756	5256	1685097	1684117	981	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1423	83.9	87.4	324	hypothetical protein
1757	5257	1686132	1685110	1023	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1422	56.3	82.5	309	hypothetical protein
1758	5258	1687078	1686162	927	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1421	52.0	78.2	281	hypothetical protein
1759	5259	1688190	1687103	2088	Synechocystis sp. PCC6803 wrc	34.4	81.5	701	exonuclease ABC subunit C
1760	5260	1689779	1689201	579	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1417	32.7	68.7	190	hypothetical protein
1761	5261	1690345	1689869	477	Escherichia coli K12	43.5	72.1	154	8,7-dimethyl-8-ribitylmurazine synthase
1762	5262	1690694	1690321	228	Bacillus subtilis	59.0	88.0	72	polypeptide encoded by rib operon
1763	5263	1690708	1691421	714	Bacillus subtilis	28.0	48.0	217	riboflavin biosynthetic protein
1764	5264	1691012	1691347	336	Bacillus subtilis	44.0	52.0	106	polypeptide encoded by rib operon
1765	5265	1691625	1690360	1286	Mycobacterium tuberculosis ribA	65.6	84.7	404	GTP cyclohydrolase II and 3, 4-dihydroxy- 2-butanone 4-phosphate synthase (riboflavin synthesis)
1766	5266	1692271	1691639	633	Actinobacillus pleuropneumoniae ISU-178 ribE	47.4	79.2	211	riboflavin synthase alpha chain
1767	5267	1693258	1692275	984	Escherichia coli K12 ribD	37.3	82.7	385	riboflavin-specific deaminase
1768	5268	1693918	1693262	657	Saccharomyces cerevisiae S288C YJL121C rpe1	43.6	73.1	234	ribulose-phosphate 3-epimerase
1769	5269	1695298	1693967	1332	Escherichia coli K12 eun	30.8	60.7	448	nucleolar protein NOL1/NOP2 (eukaryotes) family
1770	5270	1696443	1695499	945	Pseudomonas aeruginosa fnt	41.6	67.9	308	methyl-tryptophan formyltransferase
1771	5271	1696972	1696466	507	Bacillus subtilis 168 def	44.7	72.7	150	polypeptide deformylase
1772	5272	1698147	1697084	2064	Escherichia coli priA	22.9	46.3	725	prinosomal protein n
1773	5273	1700397	1699171	1221	Brevibacterium fimum MJ-233 KSE-R80080	99.3	99.5	407	S-adenosylmethionine synthetase, DNA/pantothenate metabolism
1774	5274	1701767	1700508	1260	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1391 dfp	58.0	80.9	409	flavoprotein
1775	5275	1702322	1702032	291	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1390	70.4	87.7	81	hypothetical protein
1776	5276	1703037	1702411	827	Saccharomyces cerevisiae guk1	39.8	74.7	186	guanylate kinase

【0277】

【表68】

第1-68 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1777	5277	1703308	1702891	318	pir-B70689	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1388 mlfH	80.6	90.3	103	integration host factor
1778	5278	1704350	1703517	834	sp:DCOP_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv uraA	51.8	73.6	276	orotidine-5'-phosphate decarboxylase
1779	5279	1707697	1704359	3339	pir-SYEGCP	Escherichia coli carB	53.1	77.5	1122	carbamoyl-phosphate synthase large chain
1780	5280	1708884	1707708	1179	sp:CARA_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa ATCC 15692 carA	45.4	70.1	381	carbamoyl-phosphate synthase small chain
1781	5281	1710357	1709017	1341	sp:PYRC_BACCL	Bacillus caldolyticus DSM 405 pyrC	42.8	67.7	402	dihydroorotase
1782	5282	1711348	1710413	936	sp:PYRB_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa ATCC 16692	48.6	79.7	311	aspartate carbamoyltransferase
1783	5283	1711927	1711352	578	sp:PYRR_BACCL	Bacillus caldolyticus DSM 405 pyrR	54.0	80.1	176	phosphoribosyl transferase or pyrimidine operon regulatory protein
1784	5284	1712598	1713759	1164	sp:Y00R_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2218	39.7	73.4	291	cell division inhibitor
1785	5285	1713830	1714308	477						
1786	5286	1714259	1714780	462						
1787	5287	1714741	1714950	210						
1788	5288	1716062	1715382	681	sp:NUSB_BACSU	Bacillus subtilis nusB	33.6	69.3	137	N utilization substance protein B (regulation of rRNA biosynthesis by transcriptional antitermination)
1789	5289	1716692	1716132	561	sp:EFP_BRELA	Brevibacterium lactofermentum ATCC 13889 efp	97.9	98.4	187	elongation factor P
1790	5290	1717868	1716780	1089	sp:AF124600.4	Corynebacterium glutamicum AS019 pepQ	90.5	100.0	217	cytoplasmic peptidase
1791	5291	1718032	1717938	1095	sp:AF124600.3	Corynebacterium glutamicum AS019 eroB	98.6	99.7	361	3-dehydroquinate synthase
1792	5292	1718598	1718107	492	sp:AF124600.2	Corynebacterium glutamicum AS019 aroK	100.0	100.0	166	chikimate kinase
1793	5293	1721381	1720971	411	sp:LEP3_AERHY	Aeromonas hydrophila tapD	35.2	54.9	142	type IV prepilin-like protein specific leader peptidase
1794	5294	1721725	1721423	303	sp:SC1A2.22	Streptomyces coelicolor A3(2) SC1A2.22	45.8	68.7	83	bacterial regulatory protein, araR family
1795	5295	1721780	1722853	1074	sp:AF109182.2	Corynebacterium diphtheriae hmU	35.9	73.2	340	ABC transporter
1796	5296	1722807	1722202	606						
1797	5297	1722870	1723826	957	pir-A75169	Pyrococcus abyssi Orsay PAB0349	23.6	50.7	373	iron(III) ABC transporter, periplasmic- binding protein

【0278】

【表69】

第1-69 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF 長さ (aa)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一塩基 (aa)	機能
1798	5298	1723828	1724578	753	sp:FHUC_BAGSU	<i>Bacillus subtilis</i> 168 fluC	38.3	71.7	230	ferriochrome transport ATP-binding protein
1799	5299	1725439	1724612	828	pir-D70680	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv areE	50.0	60.0	259	shikimate 5-dehydrogenase
1800	5300	1726825	1725459	1167	pir-E70660	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2553c	41.8	70.1	395	hypothetical protein
1801	5301	1727170	1726825	546	pir-F70660	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2554c	52.8	69.6	181	hypothetical protein
1802	5302	1730048	1727385	2664	sp:SYA_THIFE	<i>Thiobacillus ferrooxidans</i> ATCC 33020 alas	43.3	71.8	894	alanine-tRNA synthetase
1803	5303	1731542	1730166	1377	sp:Y0A9_MYGTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2559c	65.4	84.8	454	hypothetical protein
1804	5304	1732822	1731588	1224	sp:SYD_MYGLE	<i>Mycobacterium leprae</i> aspS	71.1	89.2	591	aspartyl-tRNA synthetase
1805	5305	1734811	1732988	1824	sp:Y0BQ_MYGTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2575	48.1	74.1	297	hypothetical protein
1806	5306	1735058	1735946	891	sp:AMVH_YEAST	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> S288C YPR019C sta1	26.1	53.6	839	glucan 1,4-alpha-glucosidase
1807	5307	1738679	1738004	2676	sp:YHGE_BAGSU	<i>Bacillus subtilis</i> yHGE	23.1	54.0	742	phage infection protein
1808	5308	1740569	1738713	1857	sp:YHGE_BAGSU	<i>Bacillus subtilis</i> yHGE	23.1	54.0	742	phage infection protein
1809	5309	1741219	1740572	848	sp:YHGE_BAGSU	<i>Bacillus subtilis</i> yHGE	23.1	54.0	742	phage infection protein
1810	5310	1741313	1741906	594	sp:SCE68_13	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SCE68.13	28.2	62.0	192	transcriptional regulator
1811	5311	1741893	1742806	714	sp:SCE15_13	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SCE15.13c	72.8	88.1	371	oxidoreductase
1812	5312	1742701	1743813	1113	sp:SCE15_13	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SCE15.13c	72.8	88.1	371	oxidoreductase
1813	5313	1743843	1743968	126	sp:SLFA_PSEAE	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> PAO1 slfA	37.1	77.6	116	NADH-dependent FMN reductase
1814	5314	1744025	1744319	495	sp:SDHL_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 sdhA	46.9	71.4	452	L-serine dehydratase
1815	5315	1744684	1746230	1347	sp:SDHL_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 sdhA	46.9	71.4	452	L-serine dehydratase
1816	5316	1746728	1747588	861	prf-2423382A	<i>Enterococcus casseliflavus</i> JpO	28.4	53.9	598	aliphatic-dicarbonylphosphate oxidase
1817	5317	1747918	1748233	1686	prf-2423382A	<i>Staphylococcus aureus</i> SRI1238	43.2	72.2	421	histidyl-tRNA synthetase
1818	5318	1749276	1747900	1287	sp:SYH_STAAL	<i>hisS</i>	40.3	62.1	211	hydrolase
1819	5319	1749963	1748325	639	sp:CJ11168X3.12	<i>Campylobacter jejuni</i> NCTC11168	40.3	62.1	211	hydrolase
1820	5320	1750427	1750933	507	7	<i>Streptomyces chrysomallus</i> ecyB	35.4	61.1	175	cyclophilin
1821	5321	1750964	1751200	237	prf-2313308A	<i>Streptomyces chrysomallus</i> ecyB	35.4	61.1	175	cyclophilin

[0279]

[表70]

第1-70 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッパ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1822	5322	1751497	1752051	555	sp:AF038651_4	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 orf4	98.4	100.0	128	hypothetical protein
1823	5323	1752186	1752527	342						
1824	5324	1754694	1755015	220	sp:AF038651_3	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 rol	99.9	99.9	780	GTP pyrophosphokinase
1825	5325	1755470	1754925	555	sp:AF038651_2	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 ept	99.5	100.0	185	adenine phosphoribosyltransferase
1826	5326	1755748	1755599	150	sp:AF038651_1	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 dsfAE	98.0	98.8	49	dipeptide transport system
1827	5327	1757228	1755498	1743	sp:Y08Q_MYGTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2685c	30.7	60.9	558	hypothetical protein
1828	5328	1758787	1757589	1209	sp:SECF_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 secF	25.9	57.2	332	protein-export membrane protein
1829	5329	1758707	1760336	630						
1830	5330	1760734	1758803	1932	prf2313285A	<i>Rhodobacter capsulatus</i> secD	24.4	52.0	619	protein-export membrane protein
1831	5331	1761367	1761005	363	sp:Y08D_MYCLE	<i>Mycobacterium leprae</i> M1CB1259.04	38.8	68.0	106	hypothetical protein
1832	5332	1762498	1761419	1080	sp:RUVB_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 ruvB	55.3	81.9	331	holliday junction DNA helicase
1833	5333	1763134	1762517	618	sp:RUVA_MYCLE	<i>Mycobacterium leprae</i> ruvA	45.2	74.3	210	holliday junction DNA helicase
1834	5334	1763639	1763177	663	sp:RUVC_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 ruvC	35.8	63.3	180	crossover junction endonuclease
1835	5335	1764742	1763990	753	sp:YEBC_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 ORF246 ybcC	49.2	78.4	250	hypothetical protein
1836	5336	1765860	1765015	846	sp:TESB_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 tesB	38.5	68.6	283	acyl-CoA thioesterase
1837	5337	1765969	1768442	474	sp:SC10A5_9	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SC10A5.09c	31.5	61.3	111	hypothetical protein
1838	5338	1766948	1768487	462	pir:H70570	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2609c	38.2	61.2	170	hypothetical protein
1839	5339	1766030	1768948	1083	sp:GP13_YEAST	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> S288C sp14	21.7	49.3	414	hexosyltransferase or N-acetylglucosaminyl-phosphatidylinositol biosynthetic protein
1840	5340	1768896	1768034	963	sp:SCL2_18	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SCL2.18c	46.4	67.8	295	acyltransferase
1841	5341	1769878	1769022	657	pir:G70571	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2612c pgsA	48.2	78.0	78	GDP-diacylglycerol-glycerol-3-phosphate phosphatidyltransferase
1842	5342	1770340	1769681	660	pir:D70571	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2613c	54.6	78.4	194	histidine triad (HIT) family protein
1843	5343	1772384	1770327	2058	sp:SYT2_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> thvZ	42.0	88.9	647	threonyl-tRNA synthetase
1844	5344	1773863	1772658	1206	sp:YWB1_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> ywbN	34.3	61.8	400	hypothetical protein
1845	5345	1773881	1774444	564						

【0280】

【表71】

第1-71 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致度 (aa)	機能
1846	5345	1714438	1713893	546						
1847	5347	1715191	1714457	735						
1848	5348	1717269	1717848	578						
1849	5349	1717444	1718037	594						
1850	5350	1719508	1718102	1407						
1851	5351	1780168	1779554	615						
1852	5352	1780905	1780607	299						
1853	5353	1781585	1781019	567	sp:PUAC STRLP	Streptomyces andatus psc	36.3	64.2	150	puromycin N-acetyltransferase
1854	5354	1781705	1782190	1086						
1855	5355	1783281	1784381	1101						
1856	5356	1784080	1783382	699						
1857	5357	1785473	1782894	2580						
1858	5358	1786844	1785732	1113						
1859	5359	1788829	1788907	78						
1860	5360	1789080	1789582	503						
1861	5361	1789580	1789788	209						
1862	5362	1789746	1790057	312						
1863	5363	1790889	1790461	428						
1864	5364	1791842	1792438	597	sp:AFUC ACTPL	Actinobacillus pleuropneumoniae ehcC	28.7	28.7	202	ferrio transport ATP-binding protein
1865	5365	1792428	1793426	999						
1866	5366	1793654	1793456	199						
1867	5367	1793714	1794820	1107						
1868	5368	1795202	1795621	420						
1869	5369	1795591	1796181	591	sp:AF088896.20	Zymomonas mobilis difp	27.1	68.7	129	pentothate metabolism flavoprotein
1870	5370	1796186	1797049	864						
1871	5371	1797350	1797769	420						
1872	5372	1797869	1797850	120						
1873	5373	1798757	1798023	735						
1874	5374	1799182	1799406	225						
1875	5375	1799473	1800366	894						
1876	5376	1800604	1800449	156						
1877	5377	1800834	1801307	474						
1878	5378	1801344	1802096	753						
1879	5379	1802577	1802155	423						
1880	5380	1802733	1803418	686						
1881	5381	1803465	1803893	428						
1882	5382	1804134	1804398	465						

【0281】

【表72】

第1-72表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッパ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1881	5383	1804829	1804885	237						
1884	5384	1804918	1805599	661						
1885	5385	1805727	1806686	960						
1886	5386	1806917	1807396	480						
1887	5387	1807433	1808113	681						
1888	5388	1808137	1808421	285						
1889	5388	1808468	1808832	375						
1890	5390	1809761	1810372	612						
1891	5391	1810541	1811545	1005	sp:INP2_ECOLI	Escherichia coli tnpR	51.1	78.0	186	transposon TN21 resolvase
1892	5392	1811564	1811938	375						
1893	5393	1812216	1812691	477	sp:PVH1_YEAST	Saccharomyces cerevisiae S288C YIR028C wh1	29.3	51.8	164	protein-tyrosine phosphatase
1894	5394	1812881	1813609	729						
1895	5395	1812882	1812480	423						
1898	5396	1813780	1814617	738	sp:SCA32WHUH_6	Streptomyces coelicolor A3(2) whH	34.3	65.7	216	sporulation transcription factor
1897	5397	1814863	1815651	789						
1898	5398	1815073	1816128	456						
1899	5399	1816451	1816836	186						
1900	5400	1817132	1817803	672						
1901	5401	1817803	1818279	477						
1902	5402	1818460	1818774	315						
1903	5403	1818798	1819166	369						
1904	5404	1819054	1819748	207						
1905	5405	1822382	1820181	2202	pir-G72285	Thermotoga maritima MS88 TM1189	22.6	55.2	545	hypothetical protein
1908	5406	1822577	1824322	1746						
1907	5407	1824371	1824589	219						
1908	5408	1824784	1824927	144						
1909	5409	1825008	1825178	429						
1910	5410	1826024	1826557	534	PIR-S60891	Corynebacterium glutamicum	63.0	75.0	186	hypothetical protein
1911	5411	1826664	1825751	894	pir-S60890	Corynebacterium glutamicum orf2	87.9	95.6	298	insertion element (IS3 related)
1912	5412	1826937	1826644	294	pir-S60889	Corynebacterium glutamicum orf1	72.3	84.2	101	insertion element (IS3 related)
1913	5413	1829900	1829888	213						
1914	5414	1830765	1832093	1299						
1915	5415	1832167	1834044	1878	sp:REG1_ERWCH	Ewinia chrysanthami recJ	24.0	50.8	622	single-stranded-DNA-specific exonuclease
1916	5416	1834928	1834149	780						

【表73】

【0282】

第1-73 表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF 長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1917	5417	1836075	1836324	1650	pir-T13302	Streptococcus phage phi-O1205 ORF13	31.8	64.3	381	primase
1918	5418	1836349	1842137	3789						
1919	5419	1842235	1842681	447						
1920	5420	1842804	1843337	534						
1921	5421	1843518	1845356	1839	sp:Y018.MYCPN	Mycoplasma pneumoniae ATCC 29342 yb95	22.1	44.7	620	helicase
1922	5422	1845483	1845857	375						
1923	5423	1845872	1846207	336	pir-T13144	Bacteriophage N15 gene57	36.7	64.2	109	phage N15 protein gp57
1924	5424	1846698	1848333	366						
1925	5425	1847315	1847932	618						
1926	5426	1847938	1848474	537						
1927	5427	1848509	1849036	528						
1928	5428	1848988	1849785	798						
1929	5429	1849781	1849868	188						
1930	5430	1850035	1850406	372						
1931	5431	1850415	1849978	438						
1932	5432	1851049	1850474	576						
1933	5433	1851220	1852440	1221	sp:SPAPJ760.2	Schizosaccharomyces pombe SPAPJ760.02o	28.7	49.8	422	actin binding protein with SH3 domains
1934	5434	1851473	1852324	852						
1935	5435	1852479	1853870	1395						
1936	5436	1854281	1854854	594						
1937	5437	1855058	1855237	180						
1938	5438	1855532	1856788	1257	sp:SC507.14	Streptomyces coelicolor SC507.14	23.6	52.5	347	ATP/GTP binding protein
1939	5439	1856885	1859738	1854						
1940	5440	1858763	1860127	1965	sp:CLPA_ECOLI	Escherichia coli K12 cpa	30.2	61.0	630	ATP-dependent Clp proteinase ATP-binding subunit
1941	5441	1860752	1861235	474						
1942	5442	1861320	1861475	156						
1943	5443	1861842	1861519	324						
1944	5444	1862088	1862399	312						
1945	5445	1862845	1865299	2355	sp:PCRA_STAAU	Staphylococcus aureus SA20 pcrA	21.4	45.9	693	ATP-dependent helicase
1946	5446	1865265	1865822	558						
1947	5447	1865842	1866219	378						
1948	5448	1866328	1866792	465						

【0283】

【表74】

第1-74表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	モチーフ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1949	5449	1866832	1867095	264						
1950	5450	1867098	1867874	777	gp:SOH17.7	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2)	25.9	47.8	224	hypothetical protein
1951	5451	1867886	1868587	702		SCH17.D7c	31.7	81.5	208	deoxynucleotide monophosphate kinase
1952	5452	1868895	1868671	225	prf:2514444Y	<i>Bacteriophage phi-C31</i> gp52				
1953	5453	1871082	1868827	2166						
1954	5454	1871373	1871101	273						
1955	5455	1877866	1871380	6507						
1956	5456	1878312	1879400	1089	prf:24033350A	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 strain	99.2	99.7	363	type II 5-cytosine methyltransferase
1957	5457	1878412	1880485	1074	pir:A55225	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 strain	99.7	99.7	358	type II restriction endonuclease
1958	5458	1883990	1882470	1521						
1959	5459	1884936	1884220	717						
1960	5460	1885230	1887047	1818	gp:SC1A2.16	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SC1A2.16c	24.6	45.8	504	hypothetical protein
1961	5461	1887405	1887590	186						
1962	5462	1888038	1887688	351	gp:AE001973.4	<i>Deinococcus radiodurans</i> DR1258	48.7	70.0	90	SNF2/Rad54 helicase-related protein
1963	5463	1889094	1888231	864	pir:T13228	<i>Lactobacillus phage phi-gle</i> Ror232	33.1	58.4	163	hypothetical protein
1964	5464	1889530	1889859	330						
1965	5465	1891707	1890028	1680	gp:AF188935.16	<i>Bacillus anthracis</i> pXO2-16	20.7	47.9	557	hypothetical protein
1966	5466	1893037	1891832	1206						
1967	5467	1894680	1893388	1293						
1968	5468	1897231	1884739	2493						
1969	5469	1899158	1887314	1785	sp:CLPB.ECOLI	<i>Escherichia coli</i> clbB	25.3	52.5	724	endopeptidase Clp ATP-binding chain B
1970	5470	1899853	1899233	621						
1971	5471	1900918	1899804	1113						
1972	5472	1901811	1901086	846						
1973	5473	1901975	1902955	981						
1974	5474	1902883	1902605	879						
1975	5475	1903028	1903225	198						
1976	5476	1905878	1903113	2765	pir:S23647	<i>Homo sapiens</i> numA	20.1	49.1	1004	nuclear mitotic apparatus protein
1977	5477	1906572	1905973	500						
1978	5478	1907814	1908864	1251						
1979	5479	1908860	1907985	896						
1980	5480	1909498	1908785	714						
1981	5481	1910508	1909501	1008						

【0284】

【表75】

第1-75 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
1982	5482	1912300	1910642	1659						
1983	5483	1913820	1912333	1488						
1984	5484	1914371	1913973	399						
1985	5485	1916233	1914725	1509						
1986	5486	1916374	1916733	360						
1987	5487	1916944	1917165	222						
1988	5488	1917640	1917329	312						
1989	5489	1918208	1917564	645						
1990	5490	1919461	1918703	759						
1991	5491	1920194	1919646	549						
1992	5492	1921278	1920347	930						
1993	5493	1925390	1925685	306						
1994	5494	1925682	1926038	357						
1995	5495	1926010	1921547	4464	pirT03099	<i>Sus scrofa domestica</i>	23.2	49.2	1408	submaxillary epimucin
1996	5496	1926837	1926259	579						
1997	5497	1928183	1927245	945						
1998	5498	1928211	1928381	171	spMTE1_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> ecoR1	42.6	65.6	61	modification methylase
1999	5499	1928534	1928908	375						
2000	5500	1930879	1928059	1821						
2001	5501	1931190	1930960	201						
2002	5502	1931868	1931421	468						
2003	5503	1932315	1931935	381	pirH70638	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv1956	38.0	58.8	114	hypothetical protein
2004	5504	1932878	1932373	507						
2005	5505	1934356	1933522	837						
2006	5506	1935912	1934871	942	sp:Y137_METJA	<i>Methanococcus jannaschii</i> MJ0137	27.1	54.6	328	hypothetical protein
2007	5507	1936226	1935649	624						
2008	5508	1937202	1937411	210						
2009	5509	1938019	1937486	534						
2010	5510	1938945	1940135	1191						
2011	5511	1939064	1938531	534						
2012	5512	1940257	1940844	588						
2013	5513	1941107	1941550	444						
2014	5514	1942484	1941732	753						
2015	5515	1942610	1942812	303						
2016	5516	1943095	1943310	216						
2017	5517	1943345	1943653	309						

【0285】

【表76】

第1-76 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF 長さ (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2018	5518	1943980	1944564	885						
2019	5519	1945435	1944608	828	prf2509434A	Enterococcus faecalis esp	23.0	44.1	304	surface protein
2020	5520	1945891	1945595	297						
2021	5521	1946332	1945982	381						
2022	5522	1947037	1946609	429						
2023	5523	1948650	1947070	1581	sp:CSPI_CORGL	Corynebacterium glutamicum (Brevibacterium flavum) ATCC 17965 esp1	30.7	54.4	270	major secreted protein PS1 protein precursor
2024	5524	1951450	1949021	2430						
2025	5525	1952485	1951619	867						
2026	5526	1954822	1952546	2277	sp:TOP3_ECOLI	Escherichia coli topB	23.8	50.9	597	DNA topoisomerase III
2027	5527	1958287	1958203	2085						
2028	5528	1958340	1958450	891						
2029	5529	1960188	1959785	432						
2030	5530	1961114	1960371	744						
2031	5531	1963000	1961114	1887	sp:CSPI_CORGL	Corynebacterium glutamicum (Brevibacterium flavum) ATCC 17965 esp1	29.7	54.7	344	major secreted protein PS1 protein precursor
2032	5532	1963429	1963139	291						
2033	5533	1964743	1963514	1230						
2034	5534	1965802	1964727	1176						
2035	5535	1966267	1965911	357						
2036	5536	1966301	1965984	684	sp:NUC_STAAU	Staphylococcus aureus nuc	30.4	57.7	227	thermonuclease
2037	5537	1967435	1967289	147						
2038	5538	1967604	1968167	564						
2039	5539	1968264	1969715	1452						
2040	5540	1969745	1970203	459						
2041	5541	1970254	1971474	1221						
2042	5542	1971672	1973090	1419						
2043	5543	1973147	1973737	591						
2044	5544	1973809	1974204	396						
2045	5545	1974287	1974503	237						
2046	5546	1975171	1975794	624	prf2313347B	Shewanella sp. sub	24.9	59.1	225	single stranded DNA-binding protein
2047	5547	1975916	1976494	578						
2048	5548	1976522	1976983	462						
2049	5549	1977043	1977549	507						
2050	5550	1977742	1978329	588						
2051	5551	1978389	1978721	333						

【0286】

【表77】

第1-77 表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致数 (aa)	機能
2052	5552	1918660	1979217	558						
2053	5553	1918239	1979808	570						
2054	5554	1918974	1980885	912						
2055	5555	1980965	1981857	893	sp:S24D_ANOGA	Anopheles gambiae AgSP24D	26.7	52.8	249	serine protease
2056	5556	1981663	1982028	366						
2057	5557	1982071	1982817	747						
2058	5558	1982081	1981812	180						
2059	5559	1983186	1983548	363						
2060	5560	1983811	1983883	73						
2061	5561	1983918	1984181	264						
2062	5562	1984217	1984450	234						
2063	5563	1984387	1984728	342						
2064	5564	1985082	1985384	303						
2065	5565	1985373	1985071	303						
2066	5566	1986590	1985442	1149	sp:VINT_BPML5	Mycobacterium phage L5 int	29.6	55.9	406	integrase
2067	5567	1987896	1987507	390	ssp:R23011	Brevibacterium lactofermentum CGL2005 [SaB]	83.9	94.4	124	transposase (divided)
2068	5568	1988303	1987867	417	ssp:R23011	Brevibacterium lactofermentum CGL2005 [SaB]	70.9	84.8	117	transposase (divided)
2069	5569	1988383	1988589	207						
2070	5570	1988483	1988370	114	ssp:R21601	Brevibacterium lactofermentum CGL2005 [SaB]	80.7	96.8	31	transposition repressor
2071	5571	1988664	1988530	135	pir:S80889	Corynebacterium glutamicum orf1	74.4	88.4	43	insertion element (IS3 related)
2072	5572	1988605	1988778	828	gp:SCJ11_12	Streptomyces coelicolor A3(2) SCJ11.12	31.1	53.7	270	transposase
2073	5573	1990667	1991020	354						
2074	5574	1990764	1989874	891						
2075	5575	1991620	1991189	432						
2076	5576	1992538	1991785	744						
2077	5577	1994121	1992538	1584	sp:CSP1_COROL	Corynebacterium glutamicum (Brevibacterium flavum) ATCC 17865 esp1	25.0	37.0	153	major secreted protein PS1 protein precursor
2078	5578	1995294	1994608	887	sp:VINT_BPML5	Mycobacterium phage L5 int	28.7	56.1	223	integrase
2079	5579	1996088	1995783	306	pir:F84346	Helicobacter pylori 26695 HP0214	39.8	76.1	88	sodium-dependent transporter
2080	5580	1996106	1996537	432	sp:YXAA_BACSU	Bacillus subtilis yzaA	48.9	81.5	92	hypothetical protein
2081	5581	1996788	1997112	345						
2082	5582	1997168	1997503	338						

【0287】

【表78】

第1-78 表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッ子	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致数 (aa)	機能
2083	5583	1997545	1998240	696	pir-C70868	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2871 rhd	33.5	84.4	233	riboflavin biosynthesis protein
2084	5584	1998289	1999642	1254	pir-E70868	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2873	42.5	71.9	384	potential membrane protein
2085	5585	1999542	1999849	408	sp-AF128264.2	Streptococcus gordonii msrA	41.3	87.5	128	methionine sulfoxide reductase
2086	5586	2000132	1999707	426						
2087	5587	2001216	2000521	696	pir-H70868	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2878	55.2	77.2	232	hypothetical protein
2088	5588	2001489	2002112	624	pir-C70528	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2880	55.7	78.6	201	hypothetical protein
2089	5589	2002072	2003334	1263	sp-RND_HAEIN	Haemophilus influenzae Rd KW20 HI0380 rnd	25.8	62.8	371	ribonuclease D
2090	5590	2005309	2003402	1908	sp-AB026631.1	Streptomyces sp. CL190 dxs	55.3	78.5	618	1-deoxy-D-xylose-5-phosphate synthase
2091	5591	2006697	2006462	1236	pir-E72298	Thermotoga maritima MSB8 TM1094	25.4	52.3	472	RNA methyltransferase
2092	5592	2006698	2006879	282						
2093	5593	2007837	2006777	861	pir-C70530	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2896c	38.1	82.7	288	hypothetical protein
2094	5594	2008184	2007736	447	sp-DUT_STRCO	Streptomyces coelicolor A3(2) SC29.09 dut	55.0	82.1	140	deoxyuridine 5-triphosphate nucleotidyltransferase
2095	5595	2008250	2008798	548	pir-E70530	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2898	46.0	70.7	150	hypothetical protein
2096	5596	2009082	2008876	207						
2097	5597	2009570	2009280	291	pir-F70530	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2899c	58.0	81.0	100	hypothetical protein
2098	5598	2010538	2009724	818	sp-SUH8_ECOLI	Escherichia coli K12 suhB	38.4	68.2	198	extragenic suppressor protein
2099	5599	2010555	2011382	828	sp-PPDK_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2702 ppkK	54.4	80.2	248	polyphosphate glucokinase
2100	5600	2011863	2013356	1494	prf-2204289A	Corynebacterium glutamicum sigA	98.0	98.6	500	sigma factor or RNA polymerase transcription factor
2101	5601	2015496	2014162	1335	sp-YRKO_BACSU	Bacillus subtilis yrkO	23.9	51.4	422	hypothetical membrane protein
2102	5602	2016121	2015585	537						
2103	5603	2017966	2018257	1710	sp-Y085_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2917	61.3	80.8	578	hypothetical protein
2104	5604	2018119	2018764	636	pir-H70531	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2709	32.3	59.1	127	hypothetical membrane protein

[0288]

【表79】

第1-79 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2105	5605	2018202	2017986	237	pir-G70531	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2708c	65.8	85.5	76	hypothetical protein
2106	5606	2018744	2020276	1533	sp:SCH6_8	Streptomyces coelicolor A3(2) SCH5.08c	33.5	61.2	523	transferase
2107	5607	2020293	2020724	432	prf-2204286C	Corynebacterium glutamicum ATCC 13889 ORF1	97.2	100.0	144	hypothetical protein
2108	5608	2022266	2022849	684	pir-140339	Corynebacterium glutamicum ATCC 13889 dbrR	98.7	99.6	228	iron dependent repressor or diphtheria toxin repressor
2109	5609	2022546	2022313	234	GP-AFO10134.1	Streptomyces aureofaciens	82.0	64.0	77	putative sporulation protein
2110	5610	2022959	2023945	987	sp:DALE_BRELA	Corynebacterium glutamicum ATCC 13889 (Brevibacterium lactofermentum) gnlE	99.1	99.1	329	UDP-glucose 4-epimerase
2111	5611	2025270	2023948	1323						
2112	5612	2025423	2024379	957	pir-E70532	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2714	45.3	79.0	305	hypothetical protein
2113	5613	2026484	2029043	2550	sp:MTR4_YEAST	Saccharomyces cerevisiae YJL050W dob1	24.4	50.7	861	ATP-dependent RNA helicase
2114	5614	2029177	2030157	981	sp:OXYR_ECOLI	Escherichia coli oxyR	35.6	65.6	299	hydrogen peroxide-inducible genes activator
2115	5615	2031365	2030277	1089	sp:HRPA_ECOLI	Escherichia coli hpaA	49.2	78.2	1298	ATP-dependent helicase
2116	5616	2031478	2035383	3906	sp:SCAJ4870.3	Streptomyces clavuligerus nrdR	61.4	88.2	143	regulatory protein
2117	5617	2035880	2035431	450	sp:LEXA_BACSU	Bacillus subtilis dinR	46.9	71.6	222	SOS regulatory protein
2118	5618	2036409	2035990	420	sp:QATR_ECOLI	Escherichia coli K12 galP	33.9	67.8	245	galactitol utilization operon repressor
2119	5619	2036812	2037607	696	sp:QATR_ECOLI	Escherichia coli K12 galP	33.9	67.8	245	galactitol utilization operon repressor
2120	5620	2037815	2038581	777	sp:QATR_ECOLI	Escherichia coli K12 galP	33.9	67.8	245	galactitol utilization operon repressor
2121	5621	2038591	2039550	960	sp:SC22_14	Streptomyces coelicolor A3(2) SCE22.14c	27.2	55.6	320	phosphatase
2122	5622	2041321	2039818	1704	sp:PT1_BACST	Bacillus steatothermophilus ptsI	34.3	64.0	592	phosphoenolpyruvate-protein phosphotransferase
2123	5623	2041728	2042519	792	sp:GLPR_ECOLI	Escherichia coli K12 galP	28.7	62.6	262	glycerol-3-phosphate regulon repressor
2124	5624	2042519	2043508	990	sp:K1PF_RHOCA	Rhodobacter capsulatus fruK	33.0	55.7	345	1-phosphofructokinase or 6- phosphofructokinase
2125	5625	2043736	2045571	1836	sp:PTFB_ECOLI	Escherichia coli K12 fruA	43.0	69.6	549	PIS system, fructose-specific IBC component
2126	5626	2045762	2046028	267	sp:PTHP_BACST	Bacillus steatothermophilus XL- 65-6 ptsH	37.0	71.6	81	phosphocarrier protein
2127	5627	2047295	2046714	582						
2128	5628	2048608	2047320	1287	sp:PYRP_BACCL	Bacillus caldolyticus pyrP	38.1	70.5	407	urecil permease

第1-80 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッパ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2129	5629	2050107	2048650	1458	sp:AF145049.8	<i>Streptomyces frediae</i> orf1*	54.4	80.0	419	ATP/GTP-binding protein
2130	5630	2050321	2051108	786						
2131	5631	2051308	2051842	537						
2132	5632	2052675	2051845	831	sp:DAPE_HAEIN	<i>Haemophilus influenzae</i> Rd KW20 H10150 dgpF	33.5	64.7	269	diaminopimelate epimerase
2133	5633	2053586	2052684	903	sp:MMAA_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 miaA	40.0	68.7	300	tRNA delta-2-isopentenylpyrophosphate transferase
2134	5634	2054283	2053809	875						
2135	5635	2054403	2055761	1359	pir-B70508	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2731	48.5	75.7	445	hypothetical protein
2136	5636	2055743	2054724	1020						
2137	5637	2055765	2056787	1023						
2138	5638	2057788	2057120	689	pir-C70506	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2732c	29.0	83.7	190	hypothetical membrane protein
2139	5639	2059420	2057855	1566	sp:Y195_MYCLE	<i>Mycobacterium leprae</i> B2235 C2 185	88.4	86.4	494	hypothetical protein
2140	5840	2059774	2060499	726	sp:GLUA_CORQL	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 gltA	99.8	99.8	242	glutamate transport ATP-binding protein
2141	5641	2060414	2060198	219	QSP:Y75358	<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	68.0	73.0	71	Neisserial polypeptides predicted to be useful antigens for vaccines and diagnostics
2142	5842	2061629	2062312	684	sp:GLUC_CORQL	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 gltC	100.0	100.0	225	glutamate transport system permease protein
2143	5843	2062441	2063259	819	sp:GLUD_CORQL	<i>Corynebacterium glutamicum</i> (<i>Brevibacterium flavum</i>) ATCC 13032 gltD	99.3	99.8	273	glutamate transport system permease protein
2144	5844	2063894	2063288	597	sp:RECX_MYCLE	<i>Mycobacterium leprae</i> recX	34.5	66.9	142	regulatory protein
2145	5845	2065627	2065394	234	pir-A70878	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2738c	40.3	71.8	67	hypothetical protein
2146	5846	2066404	2065667	738						
2147	5847	2068566	2067141	578	sp:BIQY_BAGSH	<i>Bacillus sphaericus</i> bioY	33.0	61.4	197	biotin synthase
2148	5848	2067168	2067868	699	sp:POTQ_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 potQ	33.2	89.5	223	putrescine transport ATP-binding protein
2149	5849	2067868	2068474	809	pir-F89742	<i>Bacillus subtilis</i> ybaF	24.6	58.8	228	hypothetical membrane protein
2150	5850	2068703	2069382	680	pir-B60176	<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	41.7	78.5	228	hypothetical protein
2151	5851	2068383	2068556	828	sp:35KD_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2744C	72.5	88.8	289	hypothetical protein (35KD protein)
2152	5852	2069936	2068616	321	pir-F70878	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2745c	54.2	78.3	83	regulator (DNA-binding protein)

【表81】

第1-81表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	ドマツチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致数 (aa)	機能
2153	5653	2070512	2049987	516	sp:CINA_STRPN	Streptococcus pneumoniae R6X cna	41.8	88.5	185	competence damage induced proteins
2154	5654	2071121	2070519	603	pf:2421334D	Streptococcus pyogenes pgaA	38.8	72.5	160	phosphatidylglycerophosphate synthase
2155	5655	2071315	2071599	285	pir:T10888	Arabidopsis thaliana ATSP-T1818.29	24.8	52.1	117	hypothetical protein
2156	5656	2071624	2071740	117	gp:AF071810.1	Streptococcus pneumoniae DBL5 pspA	60.0	70.0	30	surface protein (Pneumococcal surface protein A)
2157	5657	2072086	2072878	813						
2158	5658	2072903	2071799	1107	pf:2118295D	Escherichia coli tarC	31.0	59.8	358	tellurite resistance protein
2159	5659	2076056	2073294	2763	sp:SP3E_BAGSU	Bacillus subtilis 168 spoIIE	38.0	84.8	845	stage III sporulation protein E
2160	5660	2077024	2076392	833	gp:SC4G8_14	Streptomyces coelicolor A3(2) SC4G8.14	33.3	61.0	216	hypothetical protein
2161	5661	2078275	2077122	2154	sp:YOR4_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 orf4	98.1	99.4	845	hypothetical protein
2162	5662	2081136	2080387	750	sp:YDAP_BRELA	Corynebacterium glutamicum (Brevibacterium lactofermentum) ATCC 13889 orf2	99.2	99.6	250	hypothetical protein
2163	5663	2082115	2082813	699						
2164	5664	2082368	2082105	264						
2165	5665	2085190	2082932	2259	pf:2217311A	Streptomyces antibioticus gpaI	65.4	85.3	742	guanosine pentaphosphate synthetase
2166	5666	2085702	2084438	267	pir:F68700	Bacillus subtilis rpsO	64.0	88.8	89	30S ribosomal protein S15
2167	5667	2086826	2085379	948	pf:2518365A	Leishmania major	35.1	63.3	319	nucleoside hydrolase
2168	5668	2087941	2086919	1023	sp:RIBF_CORAM	Corynebacterium ammoniagenes ATCC 6872 rbfF	56.2	79.0	329	bifunctional protein (riboflavin kinase and FAD synthetase)
2169	5669	2087973	2088863	891	sp:TRUB_BAGSU	Bacillus subtilis 168 trbB	32.7	81.7	303	tRNA pseudouridine synthase B
2170	5670	2088181	2087954	228	PIR:PC4007	Corynebacterium ammoniagenes	65.0	73.0	47	hypothetical protein
2171	5671	2089668	2089218	851	gp:SC5A7_23	Streptomyces coelicolor A3(2) SC5A7.23	42.2	62.5	237	hypothetical protein
2172	5672	2090664	2089861	804	pir:B70885	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2795c	48.8	68.9	273	phosphotriesterase
2173	5673	2092055	2090751	1305	pir-Q70683	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2838c dnfF	61.0	78.8	433	DNA damaged inducible protein f
2174	5674	2093048	2092051	996	pir-H70683	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2837c	38.7	70.8	308	hypothetical protein
2175	5675	2093301	2093055	447	sp:RBFA_BAGSU	Bacillus subtilis 168 rbfA	32.4	70.4	108	ribosome-binding factor A
2176	5676	2096723	2093712	3012	sp:IF2_STIAU	Stigmatella aurantiaca DW4, infB	37.7	62.9	1103	translation initiation factor IF-2
2177	5677	2097179	2096844	338	gp:SC5H4_29	Streptomyces coelicolor A3(2) SC5H4.29	44.6	66.3	83	hypothetical protein

[0291]

[282]

第1-82 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	モチーフ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2178	5678	2098175	2097380	998	sp:NUSA_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> 168 nusa	42.3	71.0	352	n-ubidation substance protein (transcriptional termination/antitermination factor)
2179	5679	2098562	2098815	1254		<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2842c				hypothetical protein
2180	5680	2098845	2098842	534	pir-E70588		34.0	65.5	165	
2181	5681	2102240	2101841	1602	sp:DPPE_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> 168 dppE	25.3	60.9	534	peptide-binding protein
2182	5682	2102023	2102946	924	sp:DPPE_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 dppB	37.7	68.4	337	peptidetransport system permease
2183	5683	2102875	2103973	999	prf:1709239C	<i>Bacillus subtilis</i> spoOKC	38.4	68.2	292	oligopeptide permease
2184	5684	2103973	2105703	1731	pir-H70788	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2863c dppD	57.6	81.3	562	peptidetransport system ABC-transporter
2185	5685	2107564	2106801	1764	sp:SYP_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2845c proS	67.0	84.6	578	ATP-binding protein
2186	5686	2107852	2108386	735	sp:SCC30.5	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SCG30.05	39.5	66.0	243	hypothetical protein
2187	5687	2109147	2108389	759	sp:BCHD_RHOSH	<i>Rhodospirillum rubrum</i> ATCC 17023 bchD	32.4	60.7	37	magnesium-chelatase subunit
2188	5688	2110255	2108155	1101	prf:2503462AA	<i>Halobacillus mobilis</i> bchl	48.5	69.6	342	magnesium-chelatase subunit
2189	5689	2111183	2110434	750	prf:2108316B	<i>Propionibacterium freudenreichii</i> cabA	48.0	73.8	237	uroporphyrinogen III methyltransferase
2190	5690	2111236	2112659	1422	sp:YPLC_CLOPE	<i>Clostridium perfringens</i> NC8 10682 ORF2	41.2	68.7	468	hypothetical protein
2191	5691	2113616	2112717	900	sp:SGSH1_10	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SGSH1_10c	35.1	62.3	151	hypothetical protein
2192	5692	2115781	2116774	1014	pir-A70590	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2854	37.6	65.7	338	hypothetical protein
2193	5693	2118916	2118310	1395	sp:GSHR_BURCE	<i>Burkholderia cepacia</i> AC1100 gcr	53.0	76.6	466	glutathione reductase
2194	5694	2117956	2117015	942						
2195	5695	2118602	2118080	474						
2196	5696	2119139	2119495	357						
2197	5697	2118628	2120356	729						
2198	5698	2121147	2120359	789	sp:AMPN_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 map	47.2	75.8	252	methionine aminopeptidase
2199	5699	2123161	2121296	1866	prf:2224288A	<i>Streptomyces clavuligenus</i> pabr	27.3	56.5	630	penicillin binding protein
2200	5700	2123648	2123219	630	prf:2518330B	<i>Corynebacterium diphtheriae</i> chrA	44.0	72.2	216	response regulator (two-component system response regulator)
2201	5701	2124993	2123848	1149	prf:2518330A	<i>Corynebacterium diphtheriae</i> chrS	29.5	56.8	424	two-component system sensor histidine kinase

【0292】

【表83】

第1-83表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	ホモロジー	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2202	5702	2125089	2126045	957	gpAE001863_70	<i>Deinococcus radiodurans</i> DRA0279	24.4	58.1	380	hypothetical membrane protein
2203	5703	2126084	2128753	890	prf2420410P	<i>Bacillus subtilis</i> 188 vrrO	37.3	71.1	225	ABC transporter
2204	5704	2127087	2126926	162	sp:GCPE_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 gcpE	44.3	73.8	359	hypothetical protein (gcpE protein)
2205	5705	2128483	2127350	1134	sp:GCPE_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 gcpE	44.3	73.8	359	hypothetical protein (gcpE protein)
2206	5706	2128850	2128461	612	pir-070886	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2868c	43.0	73.6	405	hypothetical membrane protein
2207	5707	2129880	2128669	1212	pir-070886	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2868c	43.0	73.6	405	hypothetical membrane protein
2208	5708	2130306	2130950	645	GSP-Y37145	<i>Chlamydia trachomatis</i>	38.0	43.0	147	polypeptides can be used as vaccines against <i>Chlamydia trachomatis</i>
2209	5709	2131078	2129903	1176	sp:DXR_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 dxr	22.8	42.0	312	1-deoxy-D-xylulose-5-phosphate reductoisomerase
2210	5710	2131322	2131762	441						
2211	5711	2131726	2131247	480						
2212	5712	2133402	2131825	1578						
2213	5713	2134260	2133406	855	pir-B72334	<i>Thermotoga maritima</i> MSB8 TM0763	37.1	75.1	245	ABC transporter ATP-binding protein
2214	5714	2135551	2134454	1098	sp:YS80_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv	60.0	78.0	366	pyruvate formate-lyase 1 activating enzyme
2215	5715	2135984	2136141	258	pir-A70801	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv3780	41.5	74.5	94	hypothetical membrane protein
2216	5716	2137089	2136235	855	sp:CDSA_PSEAE	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> ATCC 15692 cdaA	33.3	58.5	294	phosphatidate cytidyltransferase
2217	5717	2137840	2137286	555	sp:RRF_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> 168 frr	47.0	84.3	185	ribosome recycling factor
2218	5718	2138684	2137838	728	prf2510358C	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> pyrH	28.4	43.1	109	uridylyl transferase
2219	5719	2138994	2139854	861						
2220	5720	2139821	2139003	825	sp:EFTS_STRGO	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SC2E1.42 taf	49.6	76.8	280	elongation factor Ts
2221	5721	2140886	2140071	816	pir-A88889	<i>Bacillus subtilis</i> rpsB	54.7	83.5	254	30S ribosomal protein S2
2222	5722	2141257	2141760	504	sp:YS91_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2891	48.0	58.0	120	hypothetical protein
2223	5723	2142686	2141763	924	prf2417318A	<i>Proteus mirabilis</i> xerD	40.1	68.7	287	site-specific recombinase
2224	5724	2144066	2142885	1182	sp:YX27_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2896c	39.8	68.8	395	hypothetical protein
2225	5725	2145586	2144068	1521	sp:YX28_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2897e	48.0	75.8	504	Mg(2+) chelatase family protein
2226	5726	2145941	2145576	366	sp:YX29_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2898c	40.3	72.3	119	hypothetical protein

【0293】

【表84】

第1-84 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	ドマツチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致率 (aa)	機能
2227	5727	2148566	2146264	303	sp:YT01_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2907c	98.3	96.0	101	hypothetical protein
2228	5728	2147192	2146556	627	sp:RNH2_HAEIN	Haemophilus influenzae Rd H11059 rnhB	42.6	69.5	190	ribonuclease HI
2229	5729	2147231	2148022	792						
2230	5730	2148046	2147281	786	prf2514288H	Streptomyces lividans TK21 sipY	32.3	61.1	285	signal peptidase
2231	5731	2148231	2149196	936	prf2510381A	Staphylococcus aureus sirA	25.4	58.1	323	Fe-regulated protein
2232	5732	2148571	2148359	213						
2233	5733	2148972	2149634	339	sp:RL19_BAGST	Bacillus stearothermophilus rplS	70.3	88.3	111	50S ribosomal protein L19
2234	5734	2150335	2150997	663	sp:THIE_BAGSU	Bacillus subtilis 168 thie	28.4	60.9	225	thiamine phosphate pyrophosphorylase
2235	5735	2151039	2152118	1080	sp:SC6E10_1	Streptomyces coelicolor A3(2) SC9E10.01	34.0	84.1	378	oxidoreductase
2236	5736	2152136	2152329	195	sp:THIS_ECOLI	Escherichia coli K12 ths	37.1	74.2	62	thiamine biosynthetic enzyme ths (thiG1)
2237	5737	2152334	2153113	780	sp:THIQ_ECOLI	Escherichia coli K12 thiQ	48.2	76.9	251	thiamine biosynthetic enzyme thiG protein
2238	5738	2153058	2154181	1134	prf2417383A	Emeriaella nidulans cmf	30.2	58.8	437	methyltransferase protein
2239	5739	2156733	2154460	2274	sp:TEX_BORPE	Bordetella pertussis TOHAMA I tox	58.8	78.7	778	transcriptional accessory protein
2240	5740	2157721	2156747	975	pir:A36940	Bacillus subtilis 168 degA	27.0	65.3	334	sporulation-specific degradation regulator protein
2241	5741	2159181	2157754	1428	pir:H72105	Chlamydomonas reinhardtii	45.8	78.3	456	dicarboxylase translocator
2242	5742	2159237	2159019	219	prf2108288A	Sphacia oleracea chloroplast	40.0	80.0	65	2-oxoglutarate/malate translocator
2243	5743	2160537	2159287	1251	sp:PCAB_PSEPU	Pseudomonas putida pceB	39.1	68.3	350	3-carboxy-cis,cis-muconate cycloisomerase
2244	5744	2160870	2160788	98						
2245	5745	2161503	2161111	393						
2246	5746	2162196	2161507	690						
2247	5747	2163014	2162196	819						
2248	5748	2163088	2163745	648	sp:IRMD_ECOLI	Escherichia coli K12 trmD	34.8	84.8	273	tRNA (guanine-N1)-methyltransferase
2249	5749	2163088	2163745	648	sp:SCF81.27	Streptomyces coelicolor A3(2) SCF81.27	30.5	57.8	210	hypothetical protein
2250	5750	2164280	2163748	513	sp:RMMN_MYCLE	Mycobacterium leprae MLCB250.34, rmm	52.3	72.1	172	16S rRNA processing protein
2251	5751	2164390	2164737	348	pir:B71881	Helicobacter pylori J99 jhp0839	29.0	66.7	69	hypothetical protein
2252	5752	2165309	2164815	495	pir:C47154	Bacillus subtilis 168 rpsP	47.0	79.5	83	30S ribosomal protein S16
2253	5753	2165523	2166098	576	pir:T14151	Mus musculus inv	32.1	61.7	196	inversin
2254	5754	2166890	2166124	861	prf2512328Q	Streptococcus agalactiae cyiB	28.8	69.1	258	ABC transporter
2254	5754	2167865	2166990	876	prf2220349C	Pyrococcus horikoshii OT3 mtrA	35.5	63.8	318	ABC transporter

【0294】

【表85】

第1-85表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2255	5755	2169564	2167944	1641	sp:SR54_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> 168 fh	58.7	78.2	559	signal recognition particle protein
2256	5756	2170429	2171098	669						
2257	5757	2171715	2172131	417						
2258	5758	2172208	2172871	663						
2259	5759	2175268	2173759	1530	sp:FTSV_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 ftsY	37.0	66.1	505	cell division protein
2260	5760	2176046	2175888	159						
2261	5761	2176402	2177103	702						
2262	5762	2179502	2178110	3393	sp:AMVH_YEAST	<i>Saccharomyces cerevisiae</i> S288C YFR019C sta1	22.4	46.2	1144	glucan 1,4-alpha-glucosidase or glucanase S1/S2 precursor
2263	5763	2180918	2181890	963						
2264	5764	2183092	2179628	3465	sp:Y08B_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2022a emc	48.3	72.8	1208	chromosome segregation protein
2265	5765	2183391	2183110	282	sp:ACYP_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2922.1C	51.1	73.9	92	acylphosphatase
2266	5766	2185258	2183405	1854	sp:YFER_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 yfer	23.9	60.0	305	transcriptional regulator
2267	5767	2186208	2185351	858	sp:YFER_ECOLI	<i>Mycobacterium leprae</i> MGL581.28c	38.3	73.5	257	hypothetical membrane protein
2268	5768	2186299	2187129	831	pir-S72748					
2269	5769	2187160	2187342	183						
2270	5770	2187679	2187233	447	sp:DNINTREQ_J	<i>Dichelobacter nodosus</i> ggp	46.8	78.8	188	cation efflux system protein
2271	5771	2188308	2187682	615	sp:FPG_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 matM or fpg	38.1	65.7	285	formamidopyrimidine-DNA glycosylase
2272	5772	2189110	2188313	858	sp:FPG_ECOLI	<i>Bacillus subtilis</i> 168 mcS	40.3	76.5	221	ribonuclease III
2273	5773	2189908	2189166	741	pir-S69693					
2274	5774	2190439	2189908	534	sp:Y08F_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2928c	35.8	62.5	176	hypothetical protein
2275	5775	2191328	2190540	789	sp:Y08G_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2927c	50.0	78.9	238	hypothetical protein
2276	5776	2191522	2193185	1664	prf2104260G	<i>Streptomyces verticillius</i>	28.3	55.6	559	transport protein
2277	5777	2193185	2194694	1509	sp:CYDC_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 cydC	28.6	58.8	541	ABC transporter
2278	5778	2196883	2198004	1122	sp:SC9C1.2	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SC9C1.02	35.3	62.6	388	hypothetical protein
2279	5779	2198447	2198007	441						
2280	5780	2198475	2199758	1284	pir-A72322	<i>Thermotoga maritima</i> MSB8 TM089g	21.0	43.7	405	hypothetical protein
2281	5781	2199808	2201070	1263	sp:HPO_CAMJIE	<i>Campylobacter jejuni</i> ATCC 43431 hpoO	32.9	64.3	353	peptidase
2282	5782	2201408	2201073	336	pir-S38197	<i>Arabidopsis thaliana</i> SUC1	27.1	51.9	133	sucrose transport protein
2283	5783	2201584	2201450	135						

第1-86 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2284	5784	2201869	2201594	276						
2285	5785	2204541	2201992	2550	prf2513410A	Thermococcus litoralis malP	38.1	67.4	814	maltoedoxin phosphorylase / glycogen phosphorylase
2286	5786	2205490	2204591	900	sp:YFIE_BAGSU	Bacillus subtilis 168 yfIE	33.9	68.4	295	hypothetical protein
2287	5787	2208249	2207302	948	sp:LGT_STAAL	Staphylococcus aureus FDA 485 lgt	31.4	65.5	264	prolipoprotein diacylglycerol transferase
2288	5788	2208167	2208367	801	sp:TRPQ_EMENI	Emericella nidulans trpC	28.6	62.1	169	indole-3-glycerol-phosphate synthase / anthranilate synthase component II
2289	5789	2209868	2209232	637	plf:H70556	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1610	29.4	58.8	228	hypothetical membrane protein
2290	5790	2210273	2209920	354	sp:HIS3_RHOSH	Rhodobacter sphaeroides ATCC 17023 his1	52.8	79.8	89	phosphoribosyl-AMP cyclohydrolase
2291	5791	2211046	2210273	774	sp:HIS6_CORG	Corynebacterium glutamicum ASD19 hisF	97.3	97.7	258	cyclase
2292	5792	2211875	2211051	825	prf24181748	Corynebacterium glutamicum ASD19 impA	94.0	94.0	241	inositol monophosphate phosphatase
2293	5793	2212619	2211882	738	gp:AF051846.1	Corynebacterium glutamicum ASD19 hisA	95.9	97.6	245	phosphoribosylformimino-5- amimidazole carboxamide ribotide isomerase
2294	5794	2213273	2212641	633	gp:AF060558.1	Corynebacterium glutamicum ASD19 hisH	88.7	92.4	210	glutamine amidotransferase
2295	5795	2215586	2214321	1266	sp:CMLR_STRLI	Streptomyces lividans 69 cmlR	25.6	54.0	402	chloramphenicol resistance protein or transmembrane transport protein
2296	5796	2215883	2215839	225						
2297	5797	2216474	2215669	606	sp:HIS7_STRCO	Streptomyces coelicolor A3(2) hisB	52.5	81.8	198	imidazoleglycerol-phosphate dehydratase
2298	5798	2217591	2216494	1098	sp:HIS9_STRCO	Streptomyces coelicolor A3(2) hisC	67.2	79.3	362	histidinol-phosphate aminotransferase
2299	5799	2218925	2217600	1326	sp:HISX_MYCSM	Mycobacterium smegmatis ATCC 807 hisD	63.8	85.7	439	histidinol dehydrogenase
2300	5800	2219159	2220358	1200	gp:SPBC215.13	Schizosaccharomyces pombe SPBC215.13	27.2	54.4	342	serine-rich secreted protein
2301	5801	2221109	2220459	651						
2302	5802	2221611	2221919	309						
2303	5803	2221928	2221167	642	prf2321289A	Leishmania donovani SAgP-1	29.4	59.7	211	histidine secretory acid phosphatase
2304	5804	2221958	2222518	561	plf:RPECRI	Escherichia coli plasmid RPT1 tatR	28.9	60.8	204	tat repressor protein
2305	5805	2222528	2225035	2508	prf2307203B	Sulfolobus acidocaldarius treX	47.4	75.5	722	glycogen debranching enzyme

第1-87表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2306	5806	2225149	2225949	801	pir-E70572	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV2822	50.0	76.0	258	hypothetical protein
2307	5807	2226763	2226980	774	sp:SC2Q6.27	Streptomyces coelicolor A3(2) SC2Q6.27c_glp	29.9	55.2	268	oxidoreductase
2308	5808	2227779	2228769	1011	prf:2503399A	Sinorhizobium meliloti idha	35.0	60.9	343	myo-inositol 2-dehydrogenase
2309	5809	2227806	2228901	889	sp:GALR_EC01J	Escherichia coli K12 galR	30.4	64.4	329	galactitol utilization operon repressor
2310	5810	2228886	2229089	788	sp:FHUC_BACSU	Bacillus subtilis 168 fhuc	32.9	68.3	246	ferrichrome transport ATP-binding protein or ferrichrome ABC transporter
2311	5811	2230937	2230900	1038	prf:2423441E	Vibrio cholerae hutC	36.8	71.1	332	hemin permease
2312	5812	2231284	2230947	348	pir:G70048	Bacillus subtilis 168 wrc	30.1	68.0	103	iron-binding protein
2313	5813	2231832	2231339	584	pir:G70048	Bacillus subtilis 168 wrc	34.6	67.8	182	iron-binding protein
2314	5814	2232456	2232018	441	sp:YTFH_EC01J	Escherichia coli K12 ytfH	38.1	73.5	113	hypothetical protein
2315	5815	2232928	2234070	1143	sp:SCIB_12	Streptomyces coelicolor A3(2) SCIB.12	23.4	50.1	355	DNA polymerase III epsilon chain
2316	5816	2234158	2234763	606						
2317	5817	2234852	2237284	2433	pir:S65769	Arthrobacter sp. Q36 treY	42.0	68.6	814	maltooligosyl trehalose synthase
2318	5818	2237331	2238353	1023	sp:AE002008.4	Dainosoccus radiodurans DR1631	27.6	52.8	322	hypothetical protein
2319	5819	2239092	2238694	399						
2320	5820	2240042	2239845	198						
2321	5821	2240246	2240058	189						
2322	5822	2240563	2239508	1056						
2323	5823	2240681	2241724	1044	sp:LXA1_PHOLU	Photorhabdus luminescens ATCC 29999 luA	20.5	54.4	375	alkanol monooxygenase alpha chain
2324	5824	2242115	2241738	378	sp:SC7H2.6	Streptomyces coelicolor A3(2) SC7H2.05	58.3	79.2	120	hypothetical protein
2325	5825	2242359	2242129	231						
2326	5826	2243035	2244819	1785	pir:S85770	Arthrobacter sp. Q36 treZ	46.3	72.4	568	maltooligosyltrehalose trehalohydrolase
2327	5827	2243043	2242393	661	sp:YVYE_BACSU	Bacillus subtilis 168	38.5	72.4	214	hypothetical protein
2328	5828	2248171	2244864	1308	sp:THD1_COROL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 liva	99.3	99.3	436	threonine dehydratase
2329	5829	2246388	2246892	507						
2330	5830	2246450	2246295	166						
2331	5831	2248208	2247006	1203	pir:S57636	Catharanthus roseus matE	22.7	49.6	415	Corynebacterium glutamicum AS019
2332	5832	2251939	2248358	3582	prf:2506371A	Streptomyces coelicolor A3(2) diaE	53.3	80.5	1183	DNA polymerase III
2333	5833	2252017	2252856	840	sp:RARD_EC01J	Escherichia coli K12 raeD	37.6	73.8	279	chloramphenicol sensitive protein
2334	5834	2253192	2253659	468	sp:HISJ_CAMJE	Campylobacter jejuni D72 hitJ	21.5	55.7	149	histidine-binding protein precursor
2335	5835	2253725	2254642	918	pir:D89548	Archaeoglobus fulgidus AF2388	22.7	64.7	198	hypothetical membrane protein

【0297】

【表88】

第1-88 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2336	5836	2255558	2254683	876	sp:GS39_BACSU	Bacillus subtilis 168 ydaD	48.2	80.0	280	short chain dehydrogenase or general stress protein
2337	5837	2257024	2255738	1287	sp:DODA_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa lysA	22.9	47.6	445	diaminopimelate (DAP) decarboxylase
2338	5838	2258312	2258362	951	sp:CYSM_ALCEU	Alcaligenes eutrophus CH34 oyeM	32.8	64.3	314	cysteine synthase
2339	5839	2259998	2259421	578						
2340	5840	2280931	2280002	930	sp:RLUD_ECOLI	Escherichia coli K12 rld	36.5	61.0	326	ribosomal large subunit pseudouridine synthase D
2341	5841	2281467	2280934	534	sp:LSPA_PSEFL	Pseudomonas fluorescens NCIB 10588 ispA	33.8	61.7	154	lipoprotein signal peptidase
2342	5842	2281688	2282689	1002						
2343	5843	2282860	2284489	1650	pir-S67863	Streptomyces antibioticus oleB	38.4	64.0	550	cleandomycin resistance protein
2344	5844	2284998	2285288	303						
2345	5845	2285108	2284509	800	prf2422382P	Rhodococcus erythropolis orf17	38.7	57.8	158	hypothetical protein
2346	5846	2285420	2286394	975	sp:ASPG_BACLI	Bacillus licheniformis	31.2	62.0	321	L-asparaginase
2347	5847	2288287	2286897	1401	sp:DINP_ECOLI	Escherichia coli K12 dinP	31.8	60.7	371	DNA-damage-inducible protein P
2348	5848	2289245	2288388	858	sp:YBIF_ECOLI	Escherichia coli K12 ybif	31.5	61.5	286	hypothetical membrane protein
2349	5849	2270261	2269260	1002	sp:SCF31.6	Streptomyces coelicolor A3(2) SCF31.08	44.3	73.1	334	transcriptional regulator
2350	5850	2270304	2270435	132						
2351	5851	2270884	2270258	827	sp:SCF31.5	Streptomyces coelicolor A3(2) SCF31.05	42.0	67.0	212	hypothetical protein
2352	5852	2274149	2270988	3162	sp:SYTC_YEAST	Saccharomyces cerevisiae A384A YBL076C ILS1	38.5	65.4	1068	isoleucyl-tRNA synthetase
2353	5853	2274688	2274473	216						
2354	5854	2275881	2274767	1095						
2355	5855	2276637	2276353	285	pirF70578	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2148c	48.3	73.2	82	hypothetical membrane protein
2356	5856	2277338	2278881	456	sp:BLFSZ.6	Brevibacterium lactofermentum orf6	89.3	99.3	152	hypothetical protein (putative YAK 1 protein)
2357	5857	2278078	2277416	663	sp:YFZ1_CORGL	Corynebacterium glutamicum	97.7	99.6	221	hypothetical protein
2358	5858	2278859	2278122	736	prf24204250	Brevibacterium lactofermentum yfh	89.2	100.0	246	hypothetical protein
2359	5859	2279155	2279640	486	GP-AB028868.1	Mus musculus P4(21)n	38.0	51.0	117	hypothetical protein
2360	5860	2280215	2278890	1328	sp:FTSZ_BRELA	Brevibacterium lactofermentum ftsZ	88.6	98.6	442	cell division protein
2361	5861	2281135	2280470	866	sp:W70502	Corynebacterium glutamicum ftsQ	89.8	100.0	222	cell division initiation protein or cell division protein

第1-89 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2362	5862	2282623	2281166	1458	gp:AB015023_1	Corynebacterium glutamicum murG	99.4	99.8	486	UDP-N-acetylmutamate--alanine ligase
2363	5863	2283776	2282661	1116	gp:BLA242646.3	Brevibacterium lactofermentum ATCC 13869 murG	98.9	99.5	372	UDP-N-acetylglucosamine-N-acetylmuramyl-(pentapeptide) pyrophosphoryl-undecaprenol N-acetylglucosamine pyrophosphoryl-undecaprenol N-acetylglucosamine
2364	5864	2285431	2283782	1650	gp:BLA242646.2	Brevibacterium lactofermentum ATCC 13869 ftsW	99.4	99.6	490	cell division protein
2365	5865	2285804	2285437	468	gp:BLA242646.1	Brevibacterium lactofermentum ATCC 13869 murD	99.1	99.1	110	UDP-N-acetylmuramylalanine-D-glutamate ligase
2366	5866	2286272	2286655	384						
2367	5867	2286499	2286831	333						
2368	5868	2287959	2288862	1098	sp:MRAY_ECOLI	Escherichia coli K12 mraY	38.6	63.8	365	phospho-N-acetylmuramyl-pentapeptide
2369	5869	2289510	2287969	1542	sp:MURF_ECOLI	Escherichia coli K12 murF	35.0	64.2	494	UDP-N-acetylmuramylalanine-D-glutamyl-2,6-diaminopimelate-D-alanyl-D-alanyl ligase
2370	5870	2291073	2289523	1551	sp:MURE_BACSU	Bacillus subtilis 168 murE	37.7	67.6	491	UDP-N-acetylmuramylalanine-D-glutamyl-2,6-diaminopimelate-D-alanyl-D-alanyl ligase
2371	5871	2291197	2290973	225	GSP-Y33117	Brevibacterium lactofermentum ORF2 pbp	100.0	100.0	57	penicillin binding protein
2372	5872	2293164	2291212	1953	pir-S54872	Pseudomonas aeruginosa pbpB	28.2	59.8	650	penicillin-binding protein
2373	5873	2294117	2293323	795						
2374	5874	2295127	2294117	1011	pir-A70581	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2185c	55.1	79.3	323	hypothetical protein
2375	5875	2295804	2295376	429	gp:MLCB268_11	Mycobacterium leprae MLCB268.11c	72.0	88.8	143	hypothetical membrane protein
2376	5876	2296698	2296512	387	pir-C70935	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2189c	39.4	69.3	137	hypothetical protein
2377	5877	2297653	2297231	423						
2378	5878	2297866	2298438	573	gp:MLCB268_13	Mycobacterium leprae MLCB268.13	36.3	65.3	190	hypothetical protein
2379	5879	2299428	2298451	978	sp:METF_STRLI	Streptomyces lividans 1326 metF	42.6	70.6	303	5,10-methylenetetrahydrofolate reductase
2380	5880	2299524	2300636	1113	pir-S32188	Mycrococcus xanthus DK1050 ORF1	30.1	62.0	329	dimethylallyltransferase

【表90】

第1-80 表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2381	5881	2300706	2302175	1470	gp:MLCB288.16	Mycobacterium leprae MLCB288.17	35.7	69.8	484	hypothetical membrane protein
2382	5882	2302178	2302685	507						
2383	5883	2302619	2302251	369	pir:A70835	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2175c	43.2	68.8	125	hypothetical protein
2384	5884	2302833	2304980	2148	gp:AB019394.1	Streptomyces coelicolor A3(2) plsF	34.2	62.4	684	eukaryotic-type protein kinase
2385	5885	2303650	2303040	651						
2386	5886	2304983	2308218	1236	gp:MLCB288.21	Mycobacterium leprae MLCB288.23	30.7	58.4	411	hypothetical membrane protein
2387	5887	2306314	2307621	1308	pir:G70838	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2181	30.4	62.0	434	hypothetical membrane protein
2388	5888	2309082	2307697	1388	gp:AF260381.2	Mycobacterium leprae MLCB288.21c	66.9	87.9	462	3-deoxy-D-arabino-heptulosonate-7-phosphate synthase
2389	5889	2308676	2309173	504	gp:MLCB288.20	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2181	58.4	77.7	166	hypothetical protein
2390	5890	2309835	2312252	2418	pir:G70838	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2181	35.1	64.5	428	hypothetical membrane protein
2391	5891	2312380	2313808	1449	sp:CSPI_CORQL	Gorynebacterium glutamicum (Brevibacterium flavum) ATCC 17965 esp1	28.2	57.1	440	major secreted protein PS1 protein precursor
2392	5892	2313833	2314036	204						
2393	5893	2314092	2313918	177						
2394	5894	2315423	2314236	1188	gp:AF098280.3	Gorynebacterium glutamicum ATCC 13032	100.0	100.0	249	hypothetical membrane protein
2395	5895	2316412	2315678	735	gp:AF098280.2	Gorynebacterium glutamicum ATCC 13032	100.0	100.0	245	acyltransferase
2396	5896	2318775	2317633	1143	gp:SC6G10.5	Streptomyces coelicolor A3(2) SC6G10.05c	50.1	75.7	383	glycosyl transferase
2397	5897	2319850	2318804	1047	sp:P60.LISV	Listeria Ivanovii lap	20.4	60.8	296	protein P60 precursor (invasion-associated-protein)
2398	5898	2320504	2319988	627	sp:P60.LISQR	Listeria grayi isp	33.0	61.3	191	protein P60 precursor (invasion-associated-protein)
2399	5899	2323073	2321472	1602	prf:2503482K	Helicobacter mobilis petB	34.3	84.7	201	ubiquinol-cytochrome c reductase
2400	5900	2323759	2323088	672	gp:AF107888.1	Streptomyces lividans qcrA	37.9	57.1	203	ubiquinol-cytochrome c reductase iron-sulfur subunit (Rieske [aFe-2S] iron-sulfur protein cyoB)

[0300]

【表91】

第1-01 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致量 (aa)	機能
2401	5901	2325195	2324311	885	sp:Y005_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2194.gcd	58.6	83.1	278	ubiquinol-cytochrome c reductase
2402	5902	2325887	2325273	615	sp:COX3_SYNNU	Synechococcus vulcanus	36.7	70.7	188	cytochrome c oxidase subunit III
2403	5903	2326273	2326121	153						
2404	5904	2326900	2326472	429	sp:Y00A_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2199c	38.6	71.0	145	hypothetical membrane protein
2405	5905	2327887	2326921	1077	sp:COX2_RHOSH	Rhodobacter sphaeroides ctaC	28.7	53.9	317	cytochrome c oxidase subunit II
2406	5906	2328516	2330435	1820	sp:AB029550.1	Corynebacterium glutamicum KY9811 tsa	99.7	99.8	640	glutamine-dependent amidotransferase or asparagine synthetase (lysine insensitivity protein)
2407	5907	2330927	2330588	342	sp:AB029550.2	Corynebacterium glutamicum KY9811 orf1	100.0	100.0	114	hypothetical protein
2408	5908	2331200	2331987	768	sp:MLC922.2	Mycobacterium leprae MLC922.07	35.0	80.2	246	hypothetical membrane protein
2409	5909	2331974	2332495	522	plcS52220	Rhodobacter capsulatus cobP	43.0	84.0	172	cobinamide kinase
2410	5910	2332512	2333600	1089	sp:COBU_PSEDE	Pseudomonas denitrificans cobU	37.8	66.9	341	nicotinate-nucleotide- dimethylbenzimidazole phosphoribosyltransferase
2411	5911	2333515	2334535	921	sp:COBY_PSEDE	Pseudomonas denitrificans cobV	25.3	48.8	305	cobalamin (5'-phosphate) synthase
2412	5912	2334717	2334481	237	prf:2414335A	Streptomyces clavuligerus car	38.8	88.5	241	clavulanate-9-aldohyde reductase
2413	5913	2335741	2335028	714	sp:ILVE_MYCTU	Mus musculus BCAT1	40.1	70.3	364	branched-chain amino acid aminotransferase
2414	5914	2337051	2335915	1137	sp:PPU10261.1	Pseudomonas putida ATCC 12633 gpaA	36.3	65.9	493	leucyl aminopeptidase
2415	5915	2337235	2338734	1500	prf:2110282A	Saccharopolyspora erythraea ORF1	40.2	67.0	97	hypothetical protein
2416	5916	2339140	2338748	393	sp:AF047034.2	Streptomyces seculensis pdhB	48.9	88.5	891	dihydrolipoamide acetyltransferase
2417	5917	2339289	2341293	2025	sp:AB020975.1	Arabidopsis thaliana	36.7	63.7	210	lipoyltransferase
2418	5918	2340804	2339440	1365	sp:AB020975.1	Pseudomonas carolinensis GRA BD 1 lipA	44.8	70.9	285	lipic acid synthetase
2419	5919	2341412	2342164	753	sp:LIPA_PELCA	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2219	45.5	78.7	257	hypothetical membrane protein
2420	5920	2342304	2343347	1044	sp:Y00U_MYCTU	Escherichia coli K12 yldE	32.9	67.8	559	hypothetical membrane protein
2421	5921	2343478	2344258	780	sp:YDE_ECOLI	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 top	100.0	100.0	401	transposase (ISC42)
2422	5922	2344431	2346047	1617	sp:AF189147.1					
2423	5923	2347491	2346289	1203						
2424	5924	2347505	2347804	300						

【表92】

【0301】

第1-02 表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2425	5925	2348548	2348078	471	gp:SCSF7.34	Streptomyces coelicolor A3(2) SCSF7.04c	41.4	63.7	157	hypothetical membrane protein
2426	5926	2350820	2350408	213						
2427	5927	2351022	2351896	875						
2428	5928	2351310	2350812	399	pir:B72308	Thermotoga maritima MSB8 TM1010	31.0	44.0	145	mutator mutY domain protein
2429	5929	2351809	2351310	600			36.7	65.6	128	hypothetical protein
2430	5930	2351980	2352828	849	sp:LUXA_VIBHA	Vibrio harveyi luxA	25.0	60.9	220	alkanal monooxygenase alpha chain (bacterial luciferase alpha chain)
2431	5931	2352833	2353225	393	pir:A72404	Thermotoga maritima MSB8 TM0215	40.5	73.0	111	protein synthesis inhibitor (translation initiation inhibitor)
2432	5932	2355156	2355398	243						
2433	5933	2355440	2355180	261						
2434	5934	2355521	2356843	1323	prf2203345H	Escherichia coli hpaX	21.9	53.4	433	4-hydroxyphenylacetate permease
2435	5935	2356784	2357354	661	gp:SCGD3.10	Streptomyces coelicolor A3(2) SCGD3.10c	42.4	72.8	158	transmembrane transport protein
2436	5936	2357284	2357707	444	gp:SCGD3.10	Streptomyces coelicolor A3(2) SCGD3.10c	31.4	66.1	118	transmembrane transport protein
2437	5937	2357484	2357290	195						
2438	5938	2357728	2358130	405						
2439	5939	2358695	2358153	543						
2440	5940	2359418	2358772	645	sp:HMUO_CORDI	Corynebacterium diphtheriae C7 HmuO	57.9	78.0	214	heme oxygenase
2441	5941	2362748	2359614	3135	gp:SCY17738.4	Streptomyces coelicolor A3(2) glnE	43.4	67.0	809	glutamate-ammonia ligase adenyllyltransferase
2442	5942	2364155	2362818	1338	sp:GLNA_THEMA	Thermotoga maritima MSB8 glnA	43.5	73.0	441	glutamine synthetase
2443	5943	2364352	2365455	1104	gp:SCE9.39	Streptomyces coelicolor A3(2) SCE9.39c	26.8	54.1	392	hypothetical protein
2444	5944	2365587	2367413	1827	sp:Y017_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2228	33.4	58.2	601	hypothetical protein
2445	5945	2367652	2367473	180	gp:SCC76A_11	Streptomyces coelicolor A3(2) SCC76A.11c	38.9	55.6	54	hypothetical protein
2446	5946	2367781	2368083	1293	sp:GALI_HUMAN	Homo sapiens galK1	24.9	53.7	374	galactokinase
2447	5947	2370381	2368118	1266	gp:AF174845.1	Brucella abortus vacB	27.1	54.5	358	virulence-associated protein
2448	5948	2370423	2370908	486						
2449	5949	2372557	2371412	1146	sp:Y019_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2228c	54.7	75.1	382	bifunctional protein (ribonuclease H and phosphoglycerate mutase)
2450	5950	2372561	2373289	729						

[0302]

【表93】

第1-93 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2451	5951	2373289	2372573	717	sp:Y01A_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2229c	28.5	58.6	249	hypothetical protein
2452	5952	2374462	2373323	1140	sp:Y01B_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2230c	49.2	78.2	378	hypothetical protein
2453	5953	2374544	2375197	654	sp:GPH_ECOLI	Escherichia coli K12 gsh	26.0	54.4	204	phosphoglycerate phosphatase
2454	5954	2375214	2376884	471	sp:PTPA_STROO	Streptomyces coelicolor A3(2) SQ11.04c ptpA	40.2	63.5	156	low molecular weight protein-tyrosine- phosphatase
2455	5955	2375767	2376720	954	sp:Y01Q_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2235	40.9	65.5	281	hypothetical protein
2456	5956	2377390	2376998	393	sp:Y12I_BURCE	Burkholderia cepacia	32.6	56.6	129	insertion element (IS402)
2457	5957	2377726	2377484	243	sp:SC8F4_22	Streptomyces coelicolor A3(2) SC8F4.22c	30.4	57.8	135	transcriptional regulator
2458	5958	2377899	2378276	378	sp:Y01K_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2238c	56.2	77.6	134	hypothetical protein
2459	5959	2378292	2378469	198	sp:AF047034_4	Streptomyces zeolensis pdrA	55.9	78.9	910	pyruvate dehydrogenase component
2460	5960	2378312	2378884	429	sp:QLNQ_ECOLI	Escherichia coli K12 glnQ	33.7	62.8	261	ABC transporter or glutamine transport ATP-binding protein
2461	5961	2378426	2379770	345	sp:R8SC_BACSU	Bacillus subtilis 168 rbsC	25.4	58.7	283	ribose transport system permease protein
2462	5962	2380033	2382744	2712	sp:H171693	Rickettsia prowazekii Madrid E RP387	26.2	62.9	286	hypothetical protein
2463	5963	2382240	2380765	1478	sp:CBPA_DIC01	Dictyostellium discoideum AX2 cbpA	41.6	55.2	125	calcium binding protein
2464	5964	2383615	2382827	789	sp:SC8G4_24	Streptomyces coelicolor A3(2) SC8G4.24	29.6	55.7	352	lipase or hydrolase
2465	5965	2384464	2385426	963	sp:ACP_MYXXA	Mycococcus xenothus ATCC 25232 acpP	42.7	80.0	76	acyl carrier protein
2466	5966	2384508	2383822	686	sp:NAGD_ECOLI	Escherichia coli K12 nagD	43.9	75.5	253	N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase
2467	5967	2385447	2384509	939	sp:AE001968_4	Deinococcus radiodurans DR1192	33.6	65.7	288	hypothetical protein
2468	5968	2385771	2386560	810	sp:SC4A7_8	Streptomyces coelicolor A3(2) SC4A7.08	52.4	75.3	271	hypothetical protein
2469	5969	2386284	2385913	372						
2470	5970	2387627	2386614	1014						
2471	5971	2387687	2387957	291						
2472	5972	2387997	2388821	825						
2473	5973	2388838	2389869	1032						
2474	5974	2390804	2390434	471						
2475	5975	2392008	2391184	825						

【表94】

【0303】

第1-94 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2476	5976	2392566	2392075	492						
2477	5977	2393349	2392579	771						
2478	5978	2393426	2393970	546						
2479	5979	2394437	2393873	465						
2480	5980	2394594	2394835	342						
2481	5981	2395204	2396763	1560	sp:PPBD_BACSU	Bacillus subtilis 168 phoD	34.2	84.7	530	alkaline phosphatase D precursor
2482	5982	2395986	2395273	714						
2483	5983	2397264	2399099	1836	sp:SC151_17	Streptomyces coelicolor A3(2) SC151_17	44.4	73.1	594	hypothetical protein
2484	5984	2399158	2399397	240	pir-Q70661	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2342	41.2	72.1	68	hypothetical protein
2485	5985	2400342	2399668	676						
2486	5986	2401303	2399405	1899	prf24133308	Mycobacterium smegmatis dnaG	59.1	82.9	633	DNA primase
2487	5987	2401373	2401834	462	sp:XXU39487.1	Streptomyces aureofaciens BMK	49.0	67.4	98	ribonuclease Sa
2488	5988	2401838	2402080	243						
2489	5989	2403165	2402530	636						
2490	5990	2404012	2402144	1869	sp:AF058788.1	Mycobacterium smegmatis mc2155_glmS	58.1	82.2	636	L-glutamine:D-fructose-6-phosphate amidotransferase
2491	5991	2404523	2404846	324						
2492	5992	2405671	2406822	1152						
2493	5993	2406258	2404987	1272	prf2413330A	Mycobacterium smegmatis dgt	54.6	76.3	414	deoxyguanosinetriphosphate triphosphohydrolase
2494	5994	2406836	2406262	675	sp:NMA172491.2 35	Neisseria meningitidis NMA0251	30.4	59.7	171	hypothetical protein
2495	5995	2406993	2409029	2037	pir-B70862	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2345	31.1	63.6	692	hypothetical protein
2496	5996	2410264	2409776	466	sp:AE003555.26	Drosophila melanogaster CG10592	24.6	54.4	138	hypothetical protein
2497	5997	2410861	2410280	582						
2498	5998	2412338	2410856	1383	pir-SS8522	Thermus aquaticus HB8	48.1	69.9	508	glycyl-tRNA synthetase
2499	5999	2412560	2412948	369	pir-E70585	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2358 furB	49.4	73.0	89	bacterial regulatory protein, araR family
2500	6000	2412862	2413423	432	sp:FUR_ECOLI	Escherichia coli K12 fur	34.9	70.5	132	ferric uptake regulation protein
2501	6001	2413568	2415116	1551	pir-A70539	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1128c	24.6	46.7	529	hypothetical protein (conserved in C. glutamicum?)
2502	6002	2416089	2415298	792	sp:AF162938.1	Streptomyces coelicolor A3(2) ksu	40.6	67.0	224	hypothetical membrane protein
2503	6003	2417099	2418371	729	sp:UPPS_MICLU	Microascus luteus B-P 26 upPS	43.4	71.2	233	undecaprenyl diphosphate synthase

【0304】

【表95】

第1-95 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2504	6004	2417947	2417222	726	pir-A70588	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2302c	45.7	74.3	245	hypothetical protein
2505	6005	2418883	2417869	815	gp-AF072811.1	Streptococcus pneumoniae era	39.5	70.3	298	Era-like GTP-binding protein
2506	6006	2420309	2418980	1320	sp-Y1DE_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2368	52.8	82.4	432	hypothetical membrane protein
2507	6007	2420900	2420313	588	sp-YN67_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2367c	65.0	88.0	197	hypothetical protein
2508	6008	2420973	2421236	264	GSP-Y75850	Neisseria meningitidis	45.0	50.0	85	Neisserial polypeptides predicted to be useful antigens for vaccines and diagnostics
2509	6009	2421849	2420900	1050	sp-PHOL_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2368a phoH	81.1	84.6	344	phosphate starvation inducible protein
2510	6010	2422687	2421875	723	gp-SCG71.18	Streptomyces coelicolor A3(2) SCC71.18c	44.0	75.4	248	hypothetical protein
2511	6011	2422850	2423791	942	pf-2421342B	Streptomyces albus dnaJ2	47.1	77.4	380	heat shock protein dnaJ
2512	6012	2423845	2422700	1146	pf-2421342B	Streptomyces albus dnaJ2	48.2	79.6	334	heat-inducible transcriptional repressor (groEL repressor)
2513	6013	2424837	2423915	1023	pf-2421342A	Streptomyces albus hrcA	33.1	84.1	320	oxygen-independent coproporphyrinogen III oxidase
2514	6014	2425864	2424965	890	pf-2318258A	Bacillus stearothermophilus hemN	36.8	84.9	134	agglutinin attachment subunit precursor
2515	6015	2426181	2426699	519	sp-AQA1_YEAST	Saccharomyces cerevisiae YNR044W AQA1				
2516	6016	2427468	2428778	853						
2517	6017	2428184	2427807	378						
2518	6018	2430028	2428184	1845	gp-SC6G10.4	Streptomyces coelicolor A3(2) SC6G10.04	48.0	75.1	611	long-chain-fatty-acid--CoA ligase
2519	6019	2430298	2432413	2118	sp-MALO_ECOLI	Escherichia coli K12 malQ	28.3	55.4	738	4-epimerase
2520	6020	2432508	2434370	1863	gp-AB005752.1	Lactobacillus brevis plasmid hcrA	29.5	84.4	604	ABC transporter, Hop-Resistance protein
2521	6021	2433868	2433814	255	GSP-Y74827	Neisseria gonorrhoeae	44.0	51.0	68	Neisserial polypeptides predicted to be useful antigens for vaccines and diagnostics
2522	6022	2434207	2433875	333	GSP-Y74829	Neisseria meningitidis	47.0	53.0	107	polypeptides predicted to be useful antigens for vaccines and diagnostics
2523	6023	2434619	2434440	180						
2524	6024	2434778	2434573	204						
2525	6025	2436838	2434805	2034	gp-DCP_SALTY	Salmonella typhimurium dcp	40.3	85.3	680	peptidyl-dipeptidase
2526	6026	2436871	2438049	1178	gp-AF064523.1	Ansoptromelus calandreae	24.1	45.7	453	carboxylesterase

【0305】

【表96】

第1-96 表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2527	6027	2438113	2439806	1794	pir:Q70983	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0126	65.2	84.9	594	glycosyl hydrolase or trehalose synthase
2528	6028	2439906	2440994	1089	pir:H70983	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0127	32.1	58.6	448	hypothetical protein
2529	6029	2441589	2441005	585	pir:I70978	Chlamydomonas reinhardtii ip11	31.8	57.7	189	isopentenyl-diphosphate Delta-isomerase
2530	6030	2441669	2441880	222						
2531	6031	2442355	2442782	438						
2532	6032	2443356	2441602	1755						
2533	6033	2444015	2443356	860						
2534	6034	2444551	2444033	519						
2535	6035	2444735	2445709	975	sp:CORCSLYS.1	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 aecD	89.4	100.0	325	beta C-S lyase (degradation of aminoethionine)
2536	6036	2445716	2446993	1278	sp:BRNQ_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 brnQ	99.8	100.0	428	branched-chain amino acid transport system carrier protein (isoleucine uptake)
2537	6037	2447021	2447898	878	sp:LUXA_VIBHA	Vibrio Harvey luxA	21.6	49.0	343	alkanal monooxygenase alpha chain
2538	6038	2450844	2450323	522	sp:AF153712.2	Sinorhizobium meliloti mdcF	25.9	60.5	324	malonate transporter
2539	6039	2451785	2450859	927	sp:GLOD_ECOLI	Escherichia coli K12 glcD	27.7	55.1	483	glycolate oxidase subunit
2540	6040	2454637	2451784	2844	sp:YDFH_ECOLI	Escherichia coli K12 ydhH	25.6	65.0	203	transcriptional regulator
2541	6041	2454726	2455436	711						
2542	6042	2455733	2455452	282	sp:YGGK_SALTY	Salmonella typhimurium yggK	22.5	57.6	467	hypothetical protein
2543	6043	2457086	2455720	1347						
2544	6044	2457759	2457337	423	sp:HBPA_HAEIN	Haemophilus influenzae Rd H10853 hbpA	27.5	56.5	548	hemo-binding protein A precursor (hemin- binding, lipoprotein)
2545	6045	2457863	2458371	1509	sp:APPB_BAGSU	Bacillus subtilis 168 appB	40.0	73.3	315	oligopeptide ABC transporter (permease)
2546	6046	2459371	2480336	966	sp:DPPC_ECOLI	Escherichia coli K12 dppC	43.2	74.5	271	oligopeptide transport system permease protein
2547	6047	2460340	2461167	828	prf:2306258MR	Escherichia coli K12 opaD	37.4	66.4	372	oligopeptide transport ATP-binding protein
2548	6048	2461183	2462598	1437	PIRG72536	Aeropyrum pernix K1 APE1580	35.0	44.0	106	hypothetical protein
2549	6049	2462048	2461543	507	pir:D70387	Aquifex aeolicus VF5 aa_768	29.3	58.0	157	hypothetical protein
2550	6050	2463150	2462602	549	prf:2514301A	Rhizobium etli rbsK	41.0	69.0	300	ribose kinase
2551	6051	2463241	2464143	903	sp:SCM2_16	Streptomyces coelicolor A3(2) SCM2_16c	39.9	64.8	466	hypothetical membrane protein
2552	6052	2464344	2465768	1425						
2553	6053	2465767	2465465	303	sp:NTCI_HUMAN	Homo sapiens	31.3	61.6	284	sodium-dependent transporter or sodium bile acid symporter family
2554	6054	2467009	2466038	972	sp:AF195243.1	Chlamydomonas reinhardtii	28.5	51.2	295	sporozoite-associated protein C
2555	6055	2467077	2467922	846						
2556	6056	2470313	2470878	366						

【0306】

【表97】

第1-97表

配列番号 (番号)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2557	6057	2472250	2472819	570	sp:THX_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 thX	100.0	100.0	133	thiamine biosynthesis protein x
2558	6058	2473480	2472893	588	sp:VG66_BPMID	Mycobacteriophage D29 66	42.6	85.5	197	hypothetical protein
2559	6059	2473653	2475542	1890	sp:RTP_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 baTP	39.8	71.7	601	glycine betaine transporter
2560	6060	2476497	2477492	996						
2561	6061	2477644	2478251	1608						
2562	6062	2479379	2479782	384						
2563	6063	2481208	2479888	1311	prf:2320266C	Rhodobacter capsulatus dclM	34.6	71.9	448	large integral C4-dicarboxylate membrane transport protein
2564	6064	2481692	2481213	480	sp:AF186091_1	Klebsiella pneumoniae detQ	33.9	73.7	116	small integral C4-dicarboxylate membrane transport protein
2565	6065	2482480	2481734	747	sp:DCTP_RHOCA	Rhodobacter capsulatus 810 dclP	28.2	59.0	227	C4-dicarboxylate-binding periplasmic protein precursor
2566	6066	2483845	2484087	243	PRF:1808416A	Lycopodium esculentum (tomato)	63.0	73.0	46	extensin I
2567	6067	2484392	2482548	1845	sp:LEPA_BACSU	Bacillus subtilis 168 baA	58.7	83.6	603	GTP-binding protein
2568	6068	2484661	2485269	609	prc:H70683	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2405	41.6	69.7	185	hypothetical protein
2569	6069	2485473	2485733	261	sp:RS20_ECOLI	Escherichia coli K12 rpaT	48.2	72.9	86	30S ribosomal protein S20
2570	6070	2486469	2485801	669	sp:RHTC_ECOLI	Escherichia coli K12 rhtC	30.0	67.1	210	threonine efflux protein
2571	6071	2486881	2486477	405	sp:SC607_25	Streptomyces coelicolor A3(2) SC607.25	61.2	80.6	129	ankyrin-like protein
2572	6072	2487884	2486910	975	prc:H70684	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2413c	48.0	74.1	313	hypothetical protein
2573	6073	2489450	2487912	1539	sp:CME3_BACSU	Bacillus subtilis 168 comEC	21.4	49.7	527	late competence operon required for DNA binding and uptake
2574	6074	2490154	2489573	582	sp:CME1_BACSU	Bacillus subtilis 168 comEA	30.8	63.6	195	late competence operon required for DNA binding and uptake
2575	6075	2490911	2491732	822						
2576	6076	2491111	2490280	822	sp:SCC123_7	Streptomyces coelicolor A3(2) SCC123.07c	34.8	66.3	273	hypothetical protein
2577	6077	2491858	2491151	708	prc:F70685	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2419c	46.8	68.4	235	phosphoglycerate mutase
2578	6078	2492343	2491873	471	prc:D70685	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2420c	55.6	86.3	117	hypothetical protein
2579	6079	2493178	2492301	678	sp:SCC123_17	Streptomyces coelicolor A3(2) SCC123.17c	68.0	85.3	197	hypothetical protein

第1-88 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2580	6080	2494237	2493215	1023	sp:PROA_CORCL	Corynebacterium glutamicum ATCC 17985 proA	99.1	99.8	432	gamma-glutamyl phosphate reductase or glutamate-5-semialdehyde dehydrogenase
2581	6081	2495834	2494339	1296	sp:YPR_A_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 17965 unkdh	99.3	100.0	304	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase
2582	6082	2496807	2495696	912	sp:D87815_1	Streptomyces coelicolor A3(2)	58.9	78.2	487	GTP-binding protein
2583	6083	2495803	2497513	711	sp:PBUX_BACSU	Bacillus subtilis 188 pbuX	39.1	77.3	422	xanthine permease
2584	6084	2498511	2498009	1503	pir:40838	Corynebacterium sp. ATCC 31090	81.2	81.9	276	2,5-diketo-D-gluconic acid reductase
2585	6085	2499783	2501689	1887	sp:RL27_STRGR	Streptomyces griseus IFO13189 rmaA	80.3	92.8	81	50S ribosomal protein L27
2586	6086	2502577	2501735	843	prf:2304253A	Streptomyces griseus IFO13189 obg	56.4	82.2	101	50S ribosomal protein L21
2587	6087	2502735	2503355	621	sp:RNE_ECOLI	Escherichia coli K12 rne	30.1	56.6	880	ribonuclease E
2588	6088	2503870	2504285	396						
2589	6089	2504247	2503984	264	sp:SCF76.8	Streptomyces coelicolor A3(2)	61.0	82.6	195	hypothetical protein
2590	6090	2504602	2504300	303	pir:S43613	Corynebacterium glutamicum ATCC 31831	98.1	100.0	436	transposase (insertion sequence IS31831)
2591	6091	2507098	2504831	2288	sp:SCF76.8	Streptomyces coelicolor A3(2)	51.3	78.9	117	hypothetical protein
2592	6092	2507115	2507663	549	sp:SCF76.9	Streptomyces coelicolor A3(2)	37.8	67.8	143	hypothetical protein
2593	6093	2507138	2507710	573	sp:AF068544.1	Mycobacterium smegmatis ndk	70.9	89.6	134	nucleoside diphosphate kinase
2594	6094	2508094	2508840	747	sp:AE002024_10	Deinococcus radiodurans R1 DR1844	34.8	67.4	92	hypothetical protein
2595	6095	2508922	2509530	609	pir:H70515	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV1883c	36.0	64.3	112	hypothetical protein
2596	6096	2510830	2509523	1308	pir:E70863	Mycobacterium tuberculosis H37Rv RV2446c	33.9	68.6	118	hypothetical protein
2597	6097	2511048	2511423	378						
2598	6098	2511427	2511876	450						
2599	6099	2512358	2511949	408						
2600	6100	2512768	2512409	360						
2601	6101	2512803	2513144	342						
2602	6102	2513618	2513154	465						
2603	6103	2514114	2513692	423						

【0308】

【表99】

第1-99 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2604	6104	2515487	2514114	1374	prf24102528	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) folC	55.4	79.6	451	folH-polyglutamate synthetase
2605	6105	2516882	2516273	612						
2606	6106	2516243	2516956	714						
2607	6107	2517089	2517751	663						
2608	6108	2516336	2516637	2700	sp:SYV_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> 168 baiS	45.5	72.1	915	valY-tRNA synthetase
2609	6109	2516672	2518398	1575	pir-A38447	<i>Bacillus subtilis</i> 168 oppA	24.2	58.5	521	oligopeptide ABC transport system substrate-binding protein
2610	6110	2520209	2521680	1452	sp:DNAX_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> 168 dnaK	26.2	54.9	508	heat shock protein dnaK
2611	6111	2522251	2521667	585	sp:ECU89186_1	<i>Escherichia coli</i> ATCC 33824	42.9	71.2	170	lysine decarboxylase
2612	6112	2523248	2522265	984	sp:MDH_THEFL	<i>Thermus aquaticus</i> ATCC 33923 mdh	56.4	76.5	319	malate dehydrogenase
2613	6113	2523561	2524337	777	sp:SCA10_33	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SCA10_33	24.6	58.5	207	transcriptional regulator
2614	6114	2524915	2524340	576	sp:AF065442_1	<i>Vibrio cholerae</i> phiA	26.0	51.4	208	hypothetical protein
2615	6115	2526088	2526226	1128	prf2513416F	<i>Acinetobacter</i> sp. vanA	38.5	68.6	357	vanilate demethylase (oxygenase)
2616	6116	2526233	2527207	975	sp:F5U12290_2	<i>Sphingomonas flava</i> ATCC 39723 pcpD	32.8	59.2	338	pentachlorophenol 4-monooxygenase reductase
2617	6117	2527135	2528559	1425	prf2513416G	<i>Acinetobacter</i> sp. vanK	40.8	78.8	444	transport protein
2618	6118	2529480	2528651	930	sp:KPU06087_7	<i>Klebsiella pneumoniae</i> mdeF	28.0	58.4	286	malonate transporter
2619	6119	2530761	2529484	1278	prf2303274A	<i>Bacillus subtilis</i> clpX	58.8	85.8	430	class-III heat-shock protein or ATP- dependent protease
2620	6120	2530891	2531976	1086	sp:SCF65_28	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SCF65_28c	45.6	73.0	366	hypothetical protein
2621	6121	2532601	2531969	633	sp:AF109386_2	<i>Streptomyces</i> sp. 2065 pceJ	63.3	85.7	210	succinyl CoA:3-oxoadipate CoA transferase beta subunit
2622	6122	2533353	2532604	750	sp:AF109386_1	<i>Streptomyces</i> sp. 2065 pceI	60.2	84.5	251	succinyl CoA:3-oxoadipate CoA transferase alpha subunit
2623	6123	2533391	2534182	792	prf2408324F	<i>Rhodococcus opacus</i> 1CP pceR	58.2	82.5	251	protocatechuate catabolic protein
2624	6124	2534201	2534524	1224	prf2411305D	<i>Ralstonia eutropha</i> bktB	44.8	71.9	406	beta-ketothiolase
2625	6125	2535168	2534257	912						
2626	6126	2535430	2536182	753	prf2408324E	<i>Rhodococcus opacus</i> pceL	50.8	78.8	256	3-oxoadipate enol-lactone hydrolase and 4-carboxymuconolactone decarboxylase
2627	6127	2536196	2536256	2081	sp:SCM1_10	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SCM1_10	23.8	43.0	825	transcriptional regulator
2628	6128	2538613	2538248	366	prf2408324E	<i>Rhodococcus opacus</i> pceL	78.3	89.6	115	3-oxoadipate enol-lactone hydrolase and 4-carboxymuconolactone decarboxylase
2629	6129	2539553	2540230	678						

【0309】

【表100】

第1-100表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2630	6130	2539731	2538618	1116	prf2408324D	Rhodococcus opacus pcaB	39.8	83.4	437	3-carboxy-cis-muconate cycloisomerase
2631	6131	2540320	2539709	612	prf2408324C	Rhodococcus opacus pcaG	49.5	70.6	214	proocatechuate dioxygenase alpha subunit
2632	6132	2541024	2540335	690	prf2408324B	Rhodococcus opacus pcaH	74.7	91.2	217	proocatechuate dioxygenase beta subunit
2633	6133	2542350	2541187	1164	pr-G70508	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Ra0338	26.4	48.7	273	hypothetical protein
2634	6134	2542802	2542512	291	prf2515333B	Mycobacterium tuberculosis catC	54.4	81.5	92	muconolactone isomerase
2635	6135	2543043	2543813	771	sp:GATB_RHOOP	Rhodococcus opacus 1CP catB	60.8	84.7	372	muconate cycloisomerase
2636	6136	2543816	2543818	1119	prf2503218A	Rhodococcus rhodochrous catA	72.3	88.4	285	catechol 1,2-dioxygenase
2637	6137	2544282	2544887	606	gp:AF134348_1	Pseudomonas putida plasmid pDK1 xyz	62.2	85.6	437	toluate 1,2 dioxygenase subunit
2638	6138	2544878	2544022	855	gp:AF134348_2	Pseudomonas putida plasmid pDK1 xyz	60.3	83.2	161	toluate 1,2 dioxygenase subunit
2639	6139	2545068	2544928	141	gp:AF134348_3	Pseudomonas putida plasmid pDK1 xyz	51.5	81.0	342	toluate 1,2 dioxygenase subunit
2640	6140	2545315	2546784	1470	gp:AF134348_4	Pseudomonas putida plasmid pDK1 xyz	30.7	61.4	277	1,2-dihydroxycyclohexa-3,5-diene carboxylate dehydrogenase
2641	6141	2546827	2547318	492	gp:REU95170_1	Rhodococcus erythropolis theQ	23.3	48.0	979	regulator of LysR family with ATP-binding site
2642	6142	2547333	2548868	1536	sp:PCAK_ACICA	Acinetobacter calcoaceticus pcaK	31.3	64.4	435	transmembrane transport protein or 4- hydroxybenzoate transporter
2643	6143	2548868	2549895	828	sp:BENE_ACICA	Acinetobacter calcoaceticus benE	29.9	68.2	388	benzoate membrane transport protein
2644	6144	2548771	2552455	2685	gp:AF071885_2	Streptomyces coelicolor M145 clpP2	69.5	88.3	197	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit 2
2645	6145	2552563	2553942	1380	gp:AF071885_1	Streptomyces coelicolor M145 clpP1	62.1	85.9	198	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit 1
2646	6146	2554026	2555267	1242	gp:SIS243537_4	Sulfolobus islandicus ORF154	42.9	71.4	42	hypothetical protein
2647	6147	2555940	2555317	624	sp:TIG_BACSU	Bacillus subtilis 168 tlg	32.1	60.4	417	trigger factor (grolyl isomerase) (chaperone protein)
2648	6148	2556580	2555978	603	gp:SCD25_17	Streptomyces coelicolor A3(2) SCD25.17	32.5	63.1	180	hypothetical protein
2649	6149	2556599	2556748	150	sp:PBPA_NOCLA	Nocardia lactamdurans LC411 pbp	25.3	50.9	336	penicillin-binding protein
2650	6150	2558108	2556760	1347	prf2301342A	Mus musculus Moa1	27.8	58.3	115	hypothetical protein
2651	6151	2558608	2559103	496						
2652	6152	2559157	2560131	975						
2653	6153	2560131	2560568	438						

[0310]

[表101]

第1-101表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致率 (aa)	機能
2654	6154	2561115	2561383	249	prf2513302C	Gorynebacterium striatum ORF1	54.2	73.2	142	transposase
2655	6155	2561920	2561483	438	prf2513302C	Gorynebacterium striatum ORF1	57.1	82.9	35	hypothetical protein
2656	6156	2562093	2562242	150	prf2513302C	Gorynebacterium striatum ORF1	50.7	78.7	75	transposase
2657	6157	2562115	2561990	126	prf2513302C	Gorynebacterium striatum ORF1				
2658	6158	2562341	2562078	284	prf2513302C	Gorynebacterium striatum ORF1				
2659	6159	2562778	2562387	390						
2660	6160	2562963	2563847	885						
2661	6161	2564402	2563832	471	sp:LACB_STAAL	Staphylococcus aureus NCTC 8325-4 lscB	40.0	71.4	140	galactose-6-phosphate isomerase
2662	6162	2565245	2564550	696	sp:YAMY_BACAD	Bacillus acidgallijycus ORF2	26.2	58.1	248	hypothetical protein
2663	6163	2566231	2565623	609	pir-A70866	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2468a	58.8	80.9	199	hypothetical protein
2664	6164	2566345	2565945	2601	sp:AMPN_STRLI	Streptomyces lividans pepN	47.5	70.5	890	aminopeptidase N
2665	6165	2569211	2570293	1083	pir-B70206	Borrelia burgdorferi BB0852	25.1	58.1	358	hypothetical protein
2666	6166	2571460	2570309	1152						
2667	6167	2571510	2572176	666						
2668	6168	2572193	2572348	156						
2669	6169	2572677	2572351	327	gp:AF139910.3	Brevibacterium linens ATCC 8175 crt	61.5	81.7	104	phytoene desaturase
2670	6170	2572977	2572807	171						
2671	6171	2573770	2573393	378						
2672	6172	2573864	2572659	1206	sp:CRTJ_MYXXA	Mycobacterium xanthus DK1050 carA2	31.2	83.8	381	phytoene dehydrogenase
2673	6173	2574718	2573843	876	sp:CRTB_STRQR	Streptomyces griseus JA3933 crtB	31.4	58.8	290	phytoene synthase
2674	6174	2575898	2574780	1119	gp:LMAJ9827.3	Listeria monocytogenes litB	25.8	47.7	392	multidrug resistance transporter
2675	6175	2577213	2575981	1233	gp:SV0ATPBP.2	Synechococcus elongatus	41.3	71.6	538	ABC transporter ATP-binding protein
2676	6176	2578872	2577232	1641	sp:DPPC_BACFI	Bacillus firmus OF4 dppC	38.8	73.8	286	dipeptide transport system permease protein
2677	6177	2579780	2578879	882	pir-S47696	Escherichia coli K12 nikB	33.2	62.0	316	nickel transport system permease protein
2678	6178	2580707	2579769	939						
2679	6179	2582417	2580711	1707						
2680	6180	2582564	2584504	1941						
2681	6181	2584613	2585926	1314	sp:ARGD_CORGL	Gorynebacterium glutamicum ATCC 13032 argD	31.4	63.5	411	acetylornithine aminotransferase
2682	6182	2586180	2587763	1584	pir-A70539	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1128c	25.1	47.9	482	hypothetical protein

【0311】

【表102】

第1-102表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2683	6183	2587976	2588722	747	sp:YA26_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0364	48.1	79.4	218	hypothetical membrane protein
2684	6184	2588432	2588725	708	sp:PHBB_CHRVI	Chromatium vinenum D phbB	28.1	60.0	235	acetoacetyl CoA reductase
2685	6185	2588565	2590302	738	pir-A40048	Streptomyces coelicolor actII	28.7	55.0	240	transcriptional regulator, TetR family
2686	6186	2590097	2591137	441	GSP-Y74375	Neisseria meningitidis	38.0	47.0	94	polypeptides predicted to be useful antigens for vaccines and diagnostics
2687	6187	2592365	2593154	792	sp:AF106002.1	Pseudomonas putida GM73 ttg2A	31.1	65.1	238	ABC transporter ATP-binding protein
2688	6188	2592402	2592784	383	sp:MLCB1810.9	Mycobacterium leprae MLCB1810.14c	53.2	77.0	128	globin
2689	6189	2592838	2593965	1128	sp:CHRA_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa Plasmid pJM505 chrA	27.3	60.4	386	chromate transport protein
2690	6190	2594594	2594968	627	pir-A70867	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2474c	37.8	68.9	196	hypothetical protein
2691	6191	2595061	2594597	465	sp:SC6D10.19	Streptomyces coelicolor A3(2) SC6D10.19c	36.2	61.4	127	hypothetical protein
2692	6192	2595808	2595188	621	pir-B72589	Aeropyrum pernix K1 APE1182	38.4	60.0	55	hypothetical protein
2693	6193	2595963	2595822	162	sp:YJN_ECOLI	Escherichia coli K12 yjK	52.8	79.0	53	ABC transporter ATP-binding protein
2694	6194	2597715	2596048	1668	pir-E70887	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2478c	31.4	62.2	171	hypothetical protein
2695	6195	2598483	2607869	615	sp:Y05L_MYCLE	Mycobacterium leprae o859	28.0	56.7	700	hypothetical membrane protein
2696	6196	2600764	2598882	2103	pir-C69076	Bacillus subtilis phoB	28.0	52.8	538	alkaline phosphatase
2697	6197	2601461	2602879	1419						
2698	6198	2604573	2605502	930						
2699	6199	2604583	2603945	639						
2700	6200	2605520	2604609	912	sp:MSMQL_STRMU	Streptococcus mutans INGBRIT mgmG	39.1	78.3	279	multiple sugar-binding transport system permease protein
2701	6201	2606369	2605527	843	sp:MSMF_STRMU	Streptococcus mutans INGBRIT menF	27.4	67.5	292	multiple sugar-binding transport system permease protein
2702	6202	2606444	2608117	1674						
2703	6203	2607889	2606561	1329	prf2206392C	Thermotoga bacterium thermosul amyE	28.8	63.2	462	maltose-binding protein
2704	6204	2609428	2608185	1242						
2705	6205	2610639	2609512	1128	prf2308358A	Streptomyces reticuli msK	59.1	79.8	386	ABC transporter ATP-binding protein (ABC-type sugar transport protein) or cellobiose/maltose transport protein
2706	6206	2611523	2612272	750						
2707	6207	2611531	2610848	684	prf2317468A	Schizosaccharomyces pombe dem1	37.7	72.7	154	dolichol phosphate mannosase synthase

[0312]

[表103]

第1-103 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致性 (aa)	機能
2708	6208	2612462	2613151	890		Rhodococcus rhodochrous plasmid pRTL1orf5	67.2	89.4	207	aldehyde dehydrogenase
2709	6209	2613712	2614600	789	prf2516398E	Synechococcus sp. PCC7942	48.6	73.8	183	circadian phase modifier
2710	6210	2614649	2615410	762	prf2513418A	gmaA				
2711	6211	2615451	2615795	345		Thermotoga maritima MS88	35.0	64.6	412	hypothetical membrane protein
2712	6212	2617120	2615939	1182	pir-A72312	Escherichia coli K12 6ip	41.2	69.4	255	glyoxylate-induced protein
2713	6213	2617246	2617995	750	sp:GIP_ECOLI	Myobacterium tuberculosis	40.0	57.0	258	ketacyl reductase
2714	6214	2618072	2618869	788	pir-E70781	H37Rv Rv1644	48.0	78.8	179	oligoribonuclease
2715	6215	2618882	2619538	657	sp:ORN_ECOLI	Escherichia coli K12 orn	28.0	50.9	454	ferric enterochelin esterase
2716	6216	2620728	2618941	1188	prf2409378A	Salmonella enterica irvD	48.5	71.9	398	lipoprotein
2717	6217	2622181	2620973	1209	pir-G70870	Myobacterium tuberculosis H37Rv Rv2518e lpsS				
2718	6218	2622961	2623805	845						
2719	6219	2623770	2623921	150						
2720	6220	2623803	2624048	246						
2721	6221	2625358	2624051	1308	sp:SCU53587_1	Corynebacterium glutamicum ATCC 21088	99.5	99.9	436	transposase (S1207)
2722	6222	2625603	2625806	207						
2723	6223	2626441	2625809	369						
2724	6224	2627624	2628376	453	sp:AF085239.1	Salmonella typhimurium KP1001 cylR	32.8	63.4	131	transcriptional regulator
2725	6225	2628121	2626493	1829	sp:GLSK_RAT	Rattus norvegicus SPRAGUE- DAWLEY KIDNEY	35.2	69.3	358	glutaminase
2726	6226	2628378	2628852	477	pir-A36940	Bacillus subtilis 168 degA	42.3	72.2	97	sporulation-specific degradation regulator protein
2727	6227	2628878	2628324	555						
2728	6228	2628928	2630479	1554	sp:UXAC_ECOLI	Escherichia coli K12 uxuC	28.0	60.9	335	uronate isomerase
2729	6229	2630636	2631138	501						
2730	6230	2631270	2632489	1197	prf1814452C	Zea diploperennis perennial teosinte	32.0	45.0	291	hypothetical protein
2731	6231	2632543	2633100	558	prf2324444A	Myobacterium avium H9cA	48.1	74.6	185	pyrazinamidase/nicotinamidase
2732	6232	2633418	2633148	273	pir-E70870	Myobacterium tuberculosis H37Rv Rv2520c	42.7	80.0	75	hypothetical protein
2733	6233	2633800	2634064	465	sp:BCP_ECOLI	Escherichia coli K12 bcp	46.8	73.8	141	bacteraeritritin comigratory protein

【0313】

【表104】

第1-104 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2704	6234	2634110	2634751	636	sp:SC11.1	Streptomyces coelicolor A3(2) SG11.01c	32.5	61.4	114	bacterial regulatory protein, tetR family
2735	6235	2635151	2634747	405	sp:8AY15081.1	Corynebacterium ammoniagenes ATCC 6871 ppt1	58.6	75.9	145	phosphopentothione protein transferase
2736	6236	2636589	2635165	1425	sp:AF237647.1	Corynebacterium glutamicum lmrB	52.4	85.6	473	lincomycin resistance protein
2737	6237	2636845	2637169	324	pir:S76537	Synectocystis sp. POC6803	30.1	54.0	113	hypothetical membrane protein
2738	6238	2637653	2637240	414						
2739	6239	2647827	2638649	8979	pir:S2047	Corynebacterium ammoniagenes fes	62.3	83.6	3029	fatty-acid synthase
2740	6240	2648416	2648235	1182	sp:SCA47.14	Streptomyces coelicolor A3(2) SCA47.14	26.3	55.2	404	hypothetical protein
2741	6241	2649550	2650164	615	pir:D70718	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0950c	40.4	60.9	230	peptidase
2742	6242	2650441	2650802	462	sp:Y077_MYCT	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1343c	40.2	67.9	112	hypothetical membrane protein
2743	6243	2650986	2651339	354	sp:Y078_MYCLE	Mycobacterium leprae B1548 F2.59	37.2	69.0	113	hypothetical membrane protein
2744	6244	2652037	2651420	618	sp:Y03Q_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1341	55.0	78.7	202	hypothetical protein
2745	6245	2652801	2652087	735	sp:RNPHLPSEAE	Pseudomonas aeruginosa ATCC 15692 rph	60.2	81.4	238	ribonuclease PH
2746	6246	2653254	2653009	246						
2747	6247	2654018	2653326	693						
2748	6248	2654980	2654079	582						
2749	6249	2656236	2654875	1382	sp:Y029_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv SC8A9.98c	29.0	58.2	428	hypothetical membrane protein
2750	6250	2656452	2656895	534	sp:AF121000.8	Corynebacterium glutamicum 22243 R-plasmid pAG1 ugB	92.1	97.2	175	transposase (IS1625)
2751	6251	2657633	2656974	660	sp:Y030_MYCLE	Mycobacterium leprae ats	46.0	74.4	250	arabinofuranase
2752	6252	2658500	2657736	765	pir:2516259A	Corynebacterium glutamicum ATCC 13889 murI	90.3	99.3	284	O-glutamate racemase
2753	6253	2659457	2658806	852						
2754	6254	2659496	2660131	636						
2755	6255	2660638	2660147	492	sp:SCE2.22	Streptomyces coelicolor A3(2) SCE2.22	44.2	70.8	147	bacterial regulatory protein, marR family
2756	6256	2661417	2660671	747	sp:Y03N_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1337	38.2	89.3	225	hypothetical membrane protein

【0314】

【表105】

第1-105 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致率 (aa)	機能
2757	6257	2681365	2682455	891	pirA47039	Flavobacterium sp. nyo	30.2	58.3	321	endo-type 6-aminohexanoate oligomer hydrolase
2758	6258	2682376	2681417	980	sp:Y03H_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1332	35.0	58.5	200	hypothetical protein
2759	6259	2682867	2682331	537	sp:Y03G_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1331	57.1	77.1	105	hypothetical protein
2760	6260	2683182	2682883	300						
2761	6261	2683437	2684050	624						
2762	6262	2684060	2685397	1338	sp:Y03F_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1330c	61.2	80.8	428	hypothetical protein
2763	6263	2685987	2685992	306						
2764	6264	2686115	2687854	1740	prf1816262A	Escherichia coli dinQ	25.2	53.3	647	ATP-dependent helicase
2765	6265	2686760	2687870	891	sp:Y0A8_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2560	29.7	60.1	313	hypothetical membrane protein
2766	6266	2686951	2686839	723	pirT34684	Streptomyces coelicolor A3(2) SC185.06c	39.0	62.0	222	hypothetical protein
2767	6267	2670573	2689557	1017	sp:SERB_ECOLI	Escherichia coli K12 serB	38.7	61.0	310	phosphoserine phosphatase
2768	6268	2671126	2672721	1596						
2769	6269	2672805	2671063	1743	pirD45335	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3043c	46.8	74.4	575	cytochrome c oxidase chain I
2770	6270	2672950	2673265	306						
2771	6271	2674339	2673338	1002	sp:AF112538.1	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 nrdE	99.7	99.7	334	ribonucleotide reductase beta-chain
2772	6272	2674804	2673288	489	sp:FTNA_ECOLI	Escherichia coli K12 ftnA	31.5	64.2	158	ferritin
2773	6273	2675491	2678240	750	sp:SCA32WHIH.4	Streptomyces coelicolor A3(2) whiH	32.8	60.2	258	sporulation transcription factor
2774	6274	2676902	2678243	880	pir40339	Corynebacterium glutamicum ATCC 13869 dnfR	27.6	60.4	225	iron dependent repressor or dnfR repressor
2775	6275	2676940	2677377	438	sp:TPR2_YEAST	Saccharomyces cerevisiae YPH48 YOR010C TPR2	24.2	62.1	124	cold shock protein TIR2 precursor
2776	6276	2677193	2678918	276	pirC69281	Archaeoglobus fulgidus AF0251	50.0	88.0	50	hypothetical membrane protein
2777	6277	2678588	2677478	2121	sp:AF112535.3	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 nrdE	99.9	100.0	707	ribonucleotide reductase alpha-chain
2778	6278	2680470	2680784	315						
2779	6279	2681353	2681223	141	SP:RL34_RICPR	Rickettsia prowazekii	58.0	79.0	41	60S ribosomal protein L36
2780	6280	2681548	2682376	831	sp:NADE_BACSU	Bacillus subtilis 168 nrdE	55.8	78.1	279	NAD(+)-dependent NAD(+) synthetase
2781	6281	2681658	2681464	93						
2782	6282	2683119	2683616	498						

【表106】

【0315】

第1-106表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッパ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2783	6283	2683125	2683378	747	pf-S76790	Synchoecysis sp. PGC6803 3Ir1563	30.7	58.4	257	hypothetical protein
2784	6284	2683418	2683131	288	pf-C70922	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3129	41.7	68.8	96	hypothetical protein
2785	6285	2684646	2683627	1020	sp-ADH2_BACST	Bacillus stearothermophilus DSM 2334 adh	26.1	52.8	337	alcohol dehydrogenase
2786	6286	2684919	2686289	1371	sp-MMGE_BACSU	Bacillus subtilis 168 mmGE	27.0	58.0	459	Bacillus subtilis mmg (for mother cell metabolite genes)
2787	6287	2686315	2687148	834	pir-T05174	Arachidopsis thaliana T6K22.50	33.8	66.2	284	hypothetical protein
2788	6288	2688240	2687449	792						
2789	6289	2690050	2688389	1662	sp-PQMU_ECOLI	Escherichia coli K12 gpm	61.7	80.6	556	phosphoglucumutase
2790	6290	2690150	2690437	288	pf-F70650	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3089	41.7	64.3	84	hypothetical membrane protein
2791	6291	2690437	2690760	324	pf-D71843	Helicobacter pylori J99 jhp1146	25.4	61.5	122	hypothetical membrane protein
2792	6292	2690773	2691564	792	sp-YCSI_BACSU	Bacillus subtilis 168 ycs1	51.2	79.1	254	hypothetical protein
2793	6293	2691689	2693053	1365	sp-AF126281.1	Rhodococcus erythropolis	24.2	48.6	496	transposase (S1676)
2794	6294	2693299	2694918	1620	sp-CSP1_CORGL	Corynebacterium glutamicum (Brevibacterium flavum) ATCC 17965 esp1	24.8	49.6	355	major secreted protein PSI protein precursor
2795	6295	2694926	2695279	354						
2796	6296	2695554	2695718	165						
2797	6297	2695766	2695320	447						
2798	6298	2695812	2697212	1401	sp-AF126281.1	Rhodococcus erythropolis	24.6	48.6	500	transposase (S1676)
2799	6299	2698150	2697383	768	sp-GLTT_BACCA	Bacillus subtilis 168	30.8	66.2	438	proton/sodium-glutamate symport protein
2800	6300	2699531	2698184	1338						
2801	6301	2700920	2701612	693						
2802	6302	2702466	2699926	2541	sp-SCE25.30	Streptomyces coelicolor A3(2) SCE25.30	33.0	69.0	873	ABC transporter
2803	6303	2702466	2703358	891						
2804	6304	2703184	2702487	708	sp-SAU18641.2	Staphylococcus aureus	45.4	79.8	218	ABC transporter ATP-binding protein
2805	6305	2704314	2704688	273	PIRF81616	Chlamydia pneumoniae AF39 CP0987	60.0	67.0	84	hypothetical protein
2806	6306	2704835	2704975	141	PIRF81737	Chlamydia muridarum Nigg TC0129	71.0	75.0	42	hypothetical protein
2807	6307	2709878	2710555	678						
2808	6308	2710637	2711308	672	prF2509388L	Streptomyces collinus Tu 1892 anaG	28.1	54.1	196	oxidoreductase or dehydrogenase

【0316】

【表107】

第1-107表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッパ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2809	6309	2711850	2712374	525	sp:Y089_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0089	25.9	51.2	205	methylesterase
2810	6310	2713181	2713453	273	GSP:Y35814	Chlamydia pneumoniae TC0129	81.0	89.0	84	hypothetical protein
2811	6311	2713702	2713842	141	PIRF81737	Chlamydia muridarum Nigg	71.0	75.0	42	hypothetical protein
2812	6312	2718187	2717993	195		Acinetobacter calcoaceticus NCIB 9250 murA	44.8	75.3	417	UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxymethyltransferase
2813	6313	2719689	2718438	1254	sp:MURA_ACICA	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv1314c	66.3	84.2	190	hypothetical protein
2814	6314	2719750	2720319	570	sp:Y02Y_MYCTU	Streptomyces coelicolor A3(2) SC2G5.15c	45.9	89.0	281	transcriptional regulator
2815	6315	2721227	2720385	843	sp:SC2G5.15	Bacillus subtilis 168 cysK	57.1	84.6	305	cysteine synthase
2816	6316	2721702	2721295	408	sp:CYSK_BAGSU	Azotobacter vinelandii cysE2	61.1	78.7	172	O-acetylserine synthase
2817	6317	2721934	2722857	924	prf:2417357C	Deinococcus radiodurans R1 DR1844	38.1	65.1	83	hypothetical protein
2818	6318	2723084	2723809	546	sp:AE002024_10	Coxiella burnetii Nine Mile Ph I sucD	52.9	79.4	291	succinyl-CoA synthetase alpha chain
2819	6319	2724057	2723770	288		Aeropyrum pernix K1 APE1089	42.0	43.0	76	hypothetical protein
2820	6320	2725359	2724478	862	sp:SUCD_COXBU	Bacillus subtilis 168 sucC	39.8	73.0	400	succinyl-CoA synthetase beta chain
2821	6321	2725619	2725843	225	PIRF72708	Streptomyces roseofulvus fmE	38.5	71.8	213	frenolich gene E product
2822	6322	2726577	2725384	1184	sp:SUCG_BAGSU	Clostridium kluyveri cat1 cat1	47.9	77.8	501	succinyl-CoA oxoanase A transferase
2823	6323	2727145	2726788	360	sp:CAT1_CLOKL	Azospirillum brasilense ATCC 29145 ntrC	38.6	68.5	321	transcriptional regulator
2824	6324	2728133	2727399	735	sp:AF058302.5	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0830 pstA1	50.2	78.5	325	phosphate ABC transport system permease protein
2825	6325	2729023	2728707	819	sp:CAT1_CLOKL	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0829 pstO2	40.0	56.0	369	phosphate-binding protein S-3 precursor
2826	6326	2730916	2729378	1539	sp:NIRQ_AZOB					
2827	6327	2731376	2732518	1143	sp:NIRQ_AZOB					
2828	6328	2732230	2731424	807		Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0821c phoY-2	48.5	81.7	213	phosphate transport system regulatory protein
2829	6329	2732836	2733367	732	pir:E70810	Pseudomonas aeruginosa pstB	58.8	82.8	255	phosphate-specific transport component
2830	6330	2734351	2733455	897	pir:S88595	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0830 pstA1	51.4	82.2	292	phosphate ABC transport system permease protein
2831	6331	2735184	2734264	921	sp:MTPSTA1_1					
2832	6332	2736215	2735202	1014	pir-A70584					
2833	6333	2737538	2736414	1125	pir:H70583					

【0317】

【表108】

第1-108 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッパ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2634	6334	2738711	2737836	876	gp:SCD84_18	Streptomyces coelicolor A3(2) SOD84_18c	34.3	60.0	315	acetyltransferase
2835	6335	2738771	2739553	783						
2836	6336	2740650	2739356	1095	sp:BMRU BACSU	Bacillus subtilis 168 bmrJ	24.7	55.2	344	hypothetical protein
2837	6337	2740670	2741356	687	pir:E70809	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0813c	44.9	74.2	225	hypothetical protein
2838	6338	2742577	2741636	942	gp:AF193846_1	Solanum tuberosum BCAT2	28.6	58.0	259	branched-chain amino acid aminotransferase
2839	6339	2742685	2743785	1101	gp:AB003158_6	Corynebacterium ammoniagenes ATCC 6872 ORF4	58.5	79.0	352	hypothetical protein
2840	6340	2744010	2744222	213	pir:B70806	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0810c	58.6	81.0	58	hypothetical protein
2841	6341	2745954	2744881	1074	gp:AB003158_5	Corynebacterium ammoniagenes ATCC 6872 purM	81.0	94.2	347	5-phosphoribosyl-5-aminimidazole synthetase
2842	6342	2747584	2746083	1482	gp:AB003158_4	Corynebacterium ammoniagenes ATCC 6872 purF	70.3	89.0	482	amidophosphoribosyl transferase
2843	6343	2748037	2747683	375	pir:H70536	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0807	57.3	75.8	124	hypothetical protein
2844	6344	2748095	2749111	1017	gp:AB003158_2	Corynebacterium ammoniagenes ATCC 6872 ORF2	75.9	94.0	315	hypothetical protein
2845	6345	2749902	2749162	741	gp:AB003158_1	Corynebacterium ammoniagenes ATCC 6872 ORF1	67.7	87.1	217	hypothetical membrane protein
2846	6346	2751918	2752103	186	QP:SSU18930_21	Sulfolobus solfataricus	64.0	71.0	42	hypothetical protein
2847	6347	2752312	2750027	2286	gp:AB003162_3	Corynebacterium ammoniagenes ATCC 6872 purL	77.6	89.5	763	5-phosphoribosyl-N-formylglycinamide synthetase
2848	6348	2752402	2753121	720						
2849	6349	2752995	2752327	669	gp:AB003162_2	Corynebacterium ammoniagenes ATCC 6872 purO	80.3	93.3	223	5-phosphoribosyl-N-formylglycinamide synthetase
2850	6350	2753237	2752995	243	gp:AB003162_1	Corynebacterium ammoniagenes ATCC 6872 purO	81.0	93.7	79	hypothetical protein
2851	6351	2753298	2753819	522						
2852	6352	2753804	2753328	477	prf:2470329A	Lactococcus lactis gpo	46.2	77.9	168	glutathione peroxidase
2853	6353	2753992	2756739	2746	prf:2216389A	Aeromonas hydrophila JMP636 nueH	28.0	51.5	965	extracellular nuclease
2854	6354	2756851	2757126	276						
2855	6355	2757815	2757129	687	pir:C70709	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0784	37.4	68.7	211	hypothetical protein

【0318】

【表109】

第1-109 表

配列番号 (位置)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一塩基 (aa)	機能
2856	6356	2759200	2757803	1338	sp:DCTA_SALTY	<i>Salmonella typhimurium</i> LT2 dclA	49.0	81.8	414	C4-dicarboxylate transporter
2857	6357	2761649	2759532	2118	prf2408288A	<i>Pseudomonas sp.</i> WO24 ddb1	41.8	70.6	697	dipeptidyl aminopeptidase
2858	6358	2762452	2761828	624						
2859	6359	2762875	2761785	891	sp:AB003161_3	<i>Corynebacterium ammoniagenes</i> ATCC 6872 purC	70.1	89.1	294	5'-phosphoribosyl-4-N-succinocarboxamide-5-amino imidazole synthetase
2860	6360	2764931	2763504	1428	sp:AB003161_2	<i>Corynebacterium ammoniagenes</i> ATCC 6872 purB	85.3	95.0	477	adenylosuccinate lyase
2861	6361	2766135	2764978	1158	sp:AAT_SULSO	<i>Sulfolobus solfataricus</i> ATCC 49235	28.1	62.3	395	aspartate aminotransferase
2862	6362	2767420	2766158	1263	sp:AB003161_1	<i>Corynebacterium ammoniagenes</i> ATCC 6872 purD	71.1	88.4	425	5'-phosphoribosylglycinamide synthetase
2863	6363	2767580	2767993	414	sp:YHIT MYCLE	<i>Mycobacterium leprae</i> u286a	53.7	80.2	136	histidine triad (HIT) family protein
2864	6364	2768137	2767703	435						
2865	6365	2769095	2768343	753	pr:S82195	<i>Methanoserena barkeri</i> orf3	26.8	58.4	243	hypothetical protein
2866	6366	2770511	2769158	1358	sp:DTPT_LACLA	<i>Laetococcus lactis</i> subsp. <i>lactis</i> dipT	30.1	67.8	469	di-/tripeptide transpoter
2867	6367	2770714	2771982	1269	sp:BIOA_COROL	<i>Corynebacterium glutamicum</i> (<i>Brevibacterium flavum</i>) MJ233 bioA	95.7	98.8	423	adenosylmethionine-8-amino-7-oxononanoate aminotransferase or 7,8-diaminopelargonic acid aminotransferase
2868	6368	2771989	2772860	872	sp:BIOD_CORGL	<i>Corynebacterium glutamicum</i> (<i>Brevibacterium flavum</i>) MJ233 bioD	98.7	99.8	224	dethiobiotin synthetase
2869	6369	2774098	2772844	1455	sp:AF049873_3	<i>Laetococcus lactis</i> M71 plasmid pND308	31.3	70.5	335	two-component system sensor Histidine kinase
2870	6370	2774814	2774110	705	prf2222218A	<i>Thermotoga maritima</i> drrA	42.0	72.7	231	two-component system regulatory protein
2871	6371	2775889	2774937	753	sp:TPA_STRLI	<i>Streptomyces lividans</i> tipA	37.4	69.5	249	transcriptional activator
2872	6372	2776879	2775740	1140	prf2418350A	<i>Arthrobacter</i> sp. DK-38	30.9	53.9	382	metal-activated pyridoxal enzyme or low specificity D-Thr aldolase
2873	6373	2778504	2776788	1737	sp:EQPOX88G	<i>Escherichia coli</i> K12 poxB	46.3	75.8	574	pyruvate oxidase
2874	6374	2778965	2780448	1482	prf2212334B	<i>Staphylococcus aureus</i> plasmid pSK23 qacB	33.3	68.9	504	multidrug efflux protein
2875	6375	2780439	2780969	531	sp:YCDC_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 ycdC	30.4	68.5	92	transcriptional regulator
2876	6376	2780998	2782315	1320	prf:D70551	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2508c	45.6	78.4	421	hypothetical membrane protein
2877	6377	2784481	2783340	2142						
2878	6378	2785613	2784656	960	sp:AF09625_2	<i>Rhodococcus erythropolis</i> SQ1 kstD1	34.3	62.1	303	3-ketosteroid dehydrogenase

【0319】

【表110】

第1-110 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッパ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致量 (aa)	機能
2879	6379	2786355	2786361	705	sp:ALSR_BAGSU	Bacillus subtilis 168 iSR	37.1	69.0	232	transcriptional regulator, LysR family
2880	6380	2786782	2786804	813	pir-C70882	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3288o lpcC	28.4	52.9	278	hypothetical protein
2881	6381	2789399	2789587	813	pir-C69862	Bacillus subtilis 168 ykrA	28.7	55.6	288	hypothetical protein
2882	6382	2789935	2789477	459						
2883	6383	2780152	2780550	399	pir-A46264	Oryctolagus cuniculus kidney cortex rBAT	28.6	50.7	140	hypothetical protein
2884	6384	2790946	2792448	1503	pir-B70798	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3737	38.0	64.0	464	hypothetical membrane protein
2885	6385	2792531	2792857	327	pir-S41307	Streptomyces griseus hrdB	32.3	50.3	155	transcription initiation factor sigma
2886	6386	2792873	2794327	1455	sp:TPS1_SCHPO	Schizosaccharomyces pombe tpe1	38.8	66.7	487	trehalose-6-phosphate synthase
2887	6387	2794300	2794812	513						
2888	6388	2794870	2795637	768	sp:OTSB_ECOLI	Escherichia coli K12 otaB	27.4	57.6	245	trehalose-phosphatase
2889	6389	2796749	2796676	1074	sp:CCPA_BAGME	Bacillus megaterium ccpA	24.7	60.2	344	glucose-resistance amylose regulator
2890	6390	2796865	2797806	942	sp:ZNUA_HAEIN	Haemophilus influenzae Rd H10119 znuA	22.4	48.7	353	high-affinity zinc uptake system protein
2891	6391	2797820	2798509	690	sp:AF121872_2	Staphylococcus aureus 8325-4 mraA	31.4	63.2	223	ABC transporter
2892	6392	2798837	2799391	555	pir-E70507	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2080	60.0	87.4	135	hypothetical membrane protein
2893	6393	2799535	2801034	1500	pir-A89426	Archaeoglobus fulgidus	23.4	52.5	303	transposase (ISA0963-5)
2894	6394	2801113	2801313	201						
2895	6395	2803246	2801558	1689	sp:AF096828_2	Rhodococcus erythropolis SQ1 kstD1	32.1	62.0	561	3-ketosteroid dehydrogenase
2896	6396	2803986	2803250	747						
2897	6397	2804691	2804074	618	pir-B72359	Thermotoga maritima MS88 bplA	34.3	56.4	204	lipopolysaccharide biosynthesis protein or oxidoreductase or dehydrogenase
2898	6398	2805110	2804876	435	sp:M2D_BAGSU	Bacillus subtilis 168 idh or idG	35.2	69.5	128	dehydrogenase or myo-inositol 2-
2899	6399	2805987	2805113	855	sp:SHIA_ECOLI	Escherichia coli K12 shiA	30.5	67.5	292	shikimate transport protein
2900	6400	2806441	2806016	428	sp:SHIA_ECOLI	Escherichia coli K12 shiA	43.1	80.8	130	shikimate transport protein
2901	6401	2807252	2806599	654	sp:SC5A7_19	Streptomyces coelicolor A3(2) SC5A7_19c	32.6	55.7	212	transcriptional regulator
2902	6402	2808364	2807428	939	sp:PT56_YEAST	Saccharomyces cerevisiae YOR201C PET56	22.8	47.3	334	ribosomal RNA ribose methylase or tRNA/rRNA methyltransferase
2903	6403	2809778	2808399	1380	sp:SYC_ECOLI	Escherichia coli K12 cysE	42.2	68.8	484	cysteine-tRNA synthetase

[0320]

【表111】

第1-111表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一数量 (aa)	機能
2904	6404	2811806	2809824	1983	pf:2511335C	<i>Lactococcus lactis</i> sacB	47.0	77.0	668	PTS system, enzyme II (sucrose-specific IABC component)
2905	6405	2813258	2811960	1299	gp:AF705034.4	<i>Clostridium acetobutylicum</i> ATCC 254 scfB	35.3	58.9	473	sucrose 6-phosphate hydrolase or sucrose
2906	6406	2814037	2813278	759	sp:NAGB_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 nagB	38.3	69.4	248	glucosamine-6-phosphate isomerase
2907	6407	2815232	2814081	1152	sp:NAQA_VIBFU	<i>Vibrio furtissii</i> SR1514 manD	30.2	60.3	388	N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase
2908	6408	2815458	2816393	936	sp:DAPA_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 dapA	28.2	62.1	298	dihydrodipicolinate synthase
2909	6409	2816409	2817317	909	sp:GLK_STRCO	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SC6E10.20c jlk	28.7	57.6	321	glucokinase
2910	6410	2817363	2818058	696	pf:2516292A	<i>Clostridium perfringens</i> NGTC 8788 nanE	36.4	68.6	220	N-acetylmannosamine-6-phosphate epimerase
2911	6411	2818313	2818137	177						
2912	6412	2819564	2818350	1215	sp:NAHH_MICVI	<i>Micromonospora viridifaciens</i> ATCC 31148 nadA	24.8	50.3	439	sialidase precursor
2913	6413	2820285	2819557	729	gp:AF181488.1	<i>Rhizobium etli</i> ansr	26.6	67.2	222	L-asparagine permease operon repressor
2914	6414	2820584	2822191	1608	gp:BFU64514.1	<i>Bacillus firmus</i> OF-4 dppA	22.5	51.4	560	dipeptide transporter protein or heme-binding protein
2915	6415	2822387	2823337	951	sp:DPPB_BACFI	<i>Bacillus firmus</i> OF-4 dppB	31.9	64.3	342	dipeptide transport system permease protein
2916	6416	2824274	2825341	1068	sp:OPPD_BAGSU	<i>Bacillus subtilis</i> 168 oppD	48.5	78.3	314	oligopeptide transport ATP-binding protein
2917	6417	2825341	2826156	816	sp:OPPF_LAGLA	<i>Lactococcus lactis</i> oppF	43.4	78.7	258	oligopeptide transport ATP-binding protein
2918	6418	2826835	2826215	621	sp:RHTB_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 htbB	28.5	62.7	193	homoserine/homoserin lactone efflux protein or hse type translocator
2919	6419	2826922	2827404	483	pf:2309303A	<i>Bradyrhizobium japonicum</i> lrp	31.0	68.2	142	leucine-responsive regulatory protein
2920	6420	2827817	2827458	360						
2921	6421	2828383	2827804	480	pir-C70607	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv3581o	55.9	86.2	152	hypothetical protein
2922	6422	2829146	2828379	768	sp:Y18T_MYCTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv3582c	46.4	71.5	235	hypothetical protein
2923	6423	2829749	2829156	594	pir-H70803	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv3583o	73.3	91.1	157	transcription factor
2924	6424	2830057	2830779	723	pf:2214304A	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv3246c mtrA	43.5	70.0	223	two-component system response regulator
2925	6425	2830779	2831694	1116	sp:BAES_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 beeS	29.3	67.7	341	two-component system sensor histidine kinase
2926	6426	2832085	2832666	582						
2927	6427	2832790	2834181	1392	sp:RADA_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 radA	41.5	74.3	463	DNA repair protein RadA

【表112】

【0321】

第1-112 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2928	6428	2834188	2835285	1098	sp:YACK_BACSU	Bacillus subtilis 168 yack	40.3	73.3	345	hypothetical protein
2929	6429	2835969	2835283	687	pir-D70804	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3587c	29.4	53.3	231	hypothetical protein
2930	6430	2837499	2836048	1452	sp:PPU08338.1	Pseudomonas putida NCIMB 9886 plasmid pRA4000	59.5	85.1	471	p-hydroxybenzaldehyde dehydrogenase
2931	6431	2837737	2837591	147						
2932	6432	2838576	2837956	621	pir-T08204	Chlamydomonas reinhardtii cal	38.7	60.2	210	mitochondrial carbonate dehydratase beta
2933	6433	2838643	2839521	879	sp:AF121707.1	Streptomyces antibioticus IMRU 3720 mutY	48.4	70.7	283	A/G-specific adanine glycosylase
2934	6434	2839582	2840718	1135						
2935	6435	2841063	2840758	306	sp:AB009078.1	Brevibacterium saccharophilum	99.2	99.6	258	L-2,3-butanediol dehydrogenase
2936	6436	2841075	2841048	74						
2937	6437	2842130	2842453	324						
2938	6438	2842493	2843233	741						
2939	6439	2843405	2843718	312						
2940	6440	2843722	2843432	291	pir-E70552	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3592	48.5	69.1	97	hypothetical protein
2941	6441	2845138	2845558	420	GSP:Y29188	Pseudomonas aeruginosa ORF24222	57.0	83.0	99	virulence factor
2942	6442	2845889	2846101	213	GSP:Y29193	Pseudomonas aeruginosa ORF25110	64.0	66.0	72	virulence factor
2943	6443	2846186	2846506	321	GSP:Y29193	Pseudomonas aeruginosa ORF25110	74.0	75.0	55	virulence factor
2944	6444	2846940	2844168	2775	sp:MECB_BACSU	Bacillus subtilis 168 mecB	58.5	88.2	832	ClpC adenosine triphosphatase / ATP-binding proteinase
2945	6445	2847228	2848659	1431	sp:AB035843.1	Bacillus cereus ts-4 impdh	37.1	70.2	469	inosine monophosphate dehydrogenase
2946	6446	2848769	2849779	1011	pir-JC6117	Rhodococcus rhodochrous nitR	24.7	82.7	316	transcription factor
2947	6447	2850031	2851815	1785	sp:PH2M_TRICU	Trichosporon cutaneum ATCC 48490	33.5	80.9	680	phenol 2-monooxygenase
2948	6448	2852017	2853732	1716						
2949	6449	2853769	2855709	1941						
2950	6450	2855795	2857518	1722						
2951	6451	2859044	2859205	162						
2952	6452	2859055	2857613	1443	sp:AF237887.1	Corynebacterium glutamicum imrB	100.0	100.0	481	lincomycin resistance protein
2953	6453	2860145	2859195	951	pir-C70807	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3517	26.7	55.8	240	hypothetical protein
2954	6454	2862082	2860505	1578	sp:AB012100.1	Bacillus stearothermophilus lysS	41.7	71.2	511	lysyl-tRNA synthetase

【0322】

【表113】

第1-113 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2955	8455	2882929	2882132	798	sp:CGPAN.2	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 panC	29.9	52.8	268	pantoate-beta-alanine ligase
2956	8456	2883821	2882929	893						
2957	8457	2884421	2883824	798						
2958	8458	2884848	2884384	465	sp:MLCB2548.4	Mycobacterium leprae MLCB2548.04c	29.0	68.6	138	hypothetical membrane protein
2959	8459	2885343	2884867	477	sp:FFPK_METEX	Methylobacterium extorquens AMI folk	42.4	69.0	158	2-amino-4-hydroxy-6- hydroxymethylhydropteridine pyrophosphokinase
2960	8460	2885735	2885346	390	sp:FOLB_BACSU	Bacillus subtilis 168 folB	36.1	69.5	118	dihydropyrimidin aldolase
2961	8461	2885987	2885731	837	sp:AB028656.1	Mycobacterium leprae folP	51.6	76.0	268	dihydropterate synthase
2962	8462	2887173	2886586	588	sp:GCH1_BACSU	Bacillus subtilis 168 mtrA	60.6	86.2	188	GTP cyclohydrolase I
2963	8463	2887471	2886385	915						
2964	8464	2889748	2887169	2580						
2965	8465	2870444	2869883	562	sp:AF008831.1	Salmonella typhimurium GP660 hprt	58.0	89.0	782	cell division protein FtsH
2966	8466	2871389	2870499	891	sp:YZC5_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3825c	51.5	83.0	165	hypoxanthine phosphoribosyltransferase
2967	8467	2872677	2871445	1233	sp:DAG_ACTSP	Actinomyces sp. R39 dac	41.0	66.8	310	cell cycle protein MesJ or cytosine deaminase-related protein
2968	8468	2872926	2873399	474	sp:JPYR_ECOLI	Escherichia coli K12 ppe	27.2	51.4	459	D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase
2969	8469	2873511	2873393	219			49.7	73.6	159	inorganic pyrophosphatase
2970	8470	2875443	2873905	1539	pir:H70886	Mycobacterium tuberculosis H37Rv speE	58.0	80.7	607	spermidine synthase
2971	8471	2875832	2875434	399	sp:Y0B1_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2800	38.6	86.4	132	hypothetical membrane protein
2972	8472	2876280	2875870	411	sp:Y0B2_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2599	36.8	63.2	144	hypothetical protein
2973	8473	2876777	2876280	498	sp:Y0B3_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2598	36.4	60.1	173	hypothetical protein
2974	8474	2877385	2876777	609	sp:Y0B4_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2597	44.6	72.3	202	hypothetical protein
2975	8475	2877703	2877465	240	sp:PTBA_BACSU	Bacillus subtilis 168 bglP	30.3	59.6	89	PTS system, beta-glucosides-permease II ABC component
2976	8476	2877858	2877595	264						
2977	8477	2879710	2878478	1233	sp:AB017795.2	Nocardia sp. KP7 phdD	38.0	68.6	411	ferredoxin reductase
2978	8478	2879966	2880252	288	sp:SCH69.9	Streptomyces coelicolor A3(2) SCH69.09c	46.4	73.2	97	hypothetical protein
2979	8479	2880544	2880867	444	prf:2516298U	Burkholderia pseudomallei ORF E	28.7	59.3	135	bacterial regulatory protein, marR family

【表114】

【0323】

第1-114 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
2980	6480	2880998	2884882	3885	pf2413335A	<i>Streptomyces roseosporus</i> cpsB	28.4	51.6	1241	peptide synthase
2981	6481	2883304	2881841	1481						
2982	6482	2888497	2884935	1563	pf2310295A	<i>Escherichia coli</i> K12 pcdA	35.0	63.7	488	phenylacetaldehyde dehydrogenase
2983	6483	2887843	2886616	918	gp-CJ1168X2.25	<i>Campylobacter jejuni</i> Cj0804	57.3	79.7	241	hypothetical protein
2984	6484	2890185	2890348	162	GP-MSGTOWPA	<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	82.0	83.0	54	hypothetical protein
2985	6485	2890377	2890553	177	GP-MSGTOWPA	<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	74.0	80.0	31	hypothetical protein
2986	6486	2880540	2888897	1644	aspR94388	<i>Brevibacterium flavum</i> MJ-233	99.5	100.0	548	heat shock protein or chaperon or groEL protein
2987	6487	2890830	2890761	180						
2988	6488	2882138	2890930	1209						
2989	6489	2893100	2892138	963						
2990	6490	2885085	2893100	1988						
2991	6491	2897525	2895072	2454						
2992	6492	2900326	2897528	2788						
2993	6493	2903620	2900330	3581	prf2109326A	<i>Homo sapiens</i> MJCSB	21.7	42.3	1238	hypothetical protein
2994	6494	2906738	2903964	2775						
2995	6495	2907250	2906639	612						
2996	6496	2907515	2908885	1371	pir-G70870	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2522c	37.1	68.0	447	peptidase
2997	6497	2909210	2909788	579						
2998	6498	2909830	2909231	600						
2999	6499	2910172	2913228	3057	prf2504285B	<i>Staphylococcus aureus</i> mnhA	35.6	68.3	797	Na ⁺ /H ⁺ antiporter or multiple resistance and pH regulation related protein A or NADH dehydrogenase
3000	6500	2913235	2913723	489	gp-AF097740_3	<i>Bacillus firmus</i> OF4 mnpC	44.2	81.7	104	Na ⁺ /H ⁺ antiporter or multiple resistance and pH regulation related protein C or cation transport system protein
3001	6501	2913749	2915416	1668	gp-AF097740_4	<i>Bacillus firmus</i> OF4 mnpD	35.2	72.1	523	Na ⁺ /H ⁺ antiporter or multiple resistance and pH regulation related protein D
3002	6502	2915482	2915922	441	gp-AF097740_5	<i>Bacillus firmus</i> OF4 mnpE	26.7	60.9	161	Na ⁺ /H ⁺ antiporter or multiple resistance and pH regulation related protein E
3003	6503	2915929	2916201	273	prf2416478Q	<i>Rhizobium meliloti</i> phaF	32.5	68.2	77	K ⁺ efflux system or multiple resistance and pH regulation related protein F
3004	6504	2916205	2916582	378	prf2504285H	<i>Staphylococcus aureus</i> mnhG	25.6	63.6	121	Na ⁺ /H ⁺ antiporter or multiple resistance and pH regulation related protein G

【0324】

【表115】

第1-115 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3005	6505	2917617	2917024	594	pir-D70594	Mycobacterium tuberculosis H37Rv lipY	24.7	54.5	178	hypothetical protein
3006	6506	2918757	2917530	1128	sp:YBDK_ECOLI	Escherichia coli K12 ybK	21.0	61.7	334	hypothetical protein
3007	6507	2919481	2918819	663	sp:DEF_BACSU	Bacillus subtilis 168 def	37.5	60.9	184	polypeptide deformylase
3008	6508	2919715	2920283	678	sp:DEF_BACSU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0430	47.9	70.4	71	hypothetical protein
3009	6509	2919741	2919490	252	pir-D70631	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0428c	31.3	54.2	339	acetyltransferase (GNAT) family or N terminal acetylating enzyme
3010	6510	2920286	2921290	1005	pir-B70631					
3011	6511	2920476	2919808	669						
3012	6512	2920849	2920220	630	gp:AF108767.1	Salmonella typhimurium LT2 xthA	30.8	59.9	31	exodeoxyribonuclease III or exonuclease
3013	6513	2921320	2922108	788	gp:BFU88888.2	Bacillus firmus OF-4 cle	27.9	62.0	513	cardiolipin synthase
3014	6514	2922118	2923817	1699						
3015	6515	2924191	2924844	654	sp:BCR_ECOLI	Escherichia coli K12 bcr	31.6	67.2	393	membrane transport protein or biocyclomycin resistance protein
3016	6516	2925147	2923954	1194	gp:VGA110868.1	Vibrio cholerae JS1569 nptA	28.5	68.9	382	sodium dependent phosphate pump
3017	6517	2925541	2926704	1164	sp:PHZC_PSEAR	Pseudomonas aureofaciens 30-84 phzC	38.8	56.4	289	phenazine biosynthesis protein
3018	6518	2927546	2926707	840						
3019	6519	2928283	2927051	633	gp:SCE8_18	Streptomyces coelicolor A3(2) SCE8_18c	24.3	60.8	255	ABC transporter
3020	6520	2928318	2927551	768	sp:BCRA_BACLI	Bacillus licheniformis ATCC 8945A bcrA	36.8	66.3	309	ABC transporter ATP-binding protein
3021	6521	2929237	2928302	936	pir-C70629	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0413	47.6	68.5	168	mutator mutT protein
3022	6522	2929756	2929256	501	pir-B70629	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0412c	35.0	70.2	423	hypothetical membrane protein
3023	6523	2929951	2931336	1386	sp:QLNH_BACST	Bacillus stearothermophilus NUB38 glnH	31.5	64.8	270	glutamine-binding protein precursor
3024	6524	2931340	2932371	1032	pir-H70628	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0410c phnG	41.2	63.5	805	serine/threonine kinase
3025	6525	2932577	2934829	2253						
3026	6526	2933398	2932652	747	sp:ADRO_BOVIN	Bos taurus	37.2	67.8	457	ferredoxin/ferredoxin-NADP reductase
3027	6527	2938403	2939767	1365	sp:ELAA_ECOLI	Escherichia coli K12 elbA	34.0	60.3	156	acetyltransferase (GNAT) family
3028	6528	2939907	2940452	546						
3029	6529	2941508	2940447	1082						
3030	6530	2942500	2941472	1029						
3031	6531	2943007	2942609	398						

【表116】

【0325】

第1-116 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマツチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致率 (aa)	機能
3032	6532	2944205	2943012	1194	sp:PURT_BAGSU	Bacillus subtilis 168 purT	59.1	82.6	379	phosphoribosylglycinamide formyltransferase
3033	6533	2946528	2945639	888						
3034	6534	2947591	2946698	894	pir:S60890	Corynebacterium glutamicum orf2	71.6	90.9	295	insertion element (IS3 related)
3035	6535	2947886	2947620	267	pir:S60889	Corynebacterium glutamicum orf1	87.4	84.3	89	insertion element (IS3 related)
3036	6536	2949188	2948049	1140	gp:AB016841.1	Streptomyces thermoviolaceus opc-520 chS	22.4	61.3	349	two-component system sensor histidine kinase
3037	6537	2949882	2949265	618	sp:DEGU_BACBR	Bacillus brevis ALK38 degU	31.7	85.6	218	transcriptional regulator
3038	6538	2950207	2950431	225						
3039	6539	2951723	2950434	1290	gp:AB003160.1	Corynebacterium ammoniagenes purA	89.7	95.3	427	adenylosuccinate synthetase
3040	6540	2951933	2952691	759	pir:Q70575	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0358	34.3	59.3	204	hypothetical protein
3041	6541	2952709	2952972	264						
3042	6542	2954141	2952975	1167	sp:YFDA_CORQL	Corynebacterium glutamicum AS019 ATCC 13069 ORF3	100.0	100.0	359	hypothetical membrane protein
3043	6543	2955272	2954241	1032	pir:S09283	Corynebacterium glutamicum AS018 ATCC 13059 fda	99.7	100.0	344	fructose-bisphosphate aldolase
3044	6544	2956473	2955523	951	gp:CGFDA.1	Corynebacterium glutamicum AS018 ATCC 13059 ORF1	100.0	100.0	304	hypothetical protein
3045	6545	2957447	2956830	618	pir:G70833	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0380c	76.9	91.2	182	methyltransferase
3046	6546	2958038	2957485	552	gp:AF058713.1	Pyrococcus abyssi pYE	39.1	65.5	174	oxalate phosphoribosyltransferase
3047	6547	2959110	2958139	972	pir:B70834	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0383c	27.6	60.0	250	hypothetical protein
3048	6548	2960371	2959520	852	sp:THTM_HUMAN	Homo sapiens mpst	29.6	56.1	294	3-mercaptopyruvate sulfurtransferase
3049	6549	2961187	2960468	720						
3050	6550	2963008	2962730	279						
3051	6551	2963596	2963198	399						
3052	6552	2964258	2964434	177	GSP:Y29188	Pseudomonas aeruginosa ORF24222	76.0	82.0	59	virulence factor
3053	6553	2966078	2965637	762	GSP:Y29182	Pseudomonas aeruginosa ORF23228	38.0	55.0	200	virulence factor
3054	6554	2965188	2965583	396	GSP:Y29193	Pseudomonas aeruginosa ORF25110	62.0	63.0	132	virulence factor
3055	6555	2967804	2968458	1347	pir:S76683	Synechocystis sp. PCC6803 slr0825	24.7	54.8	489	sodium/glutamate symport carrier protein
3056	6556	2968403	2968789	387	sp:GADF_STAAU	Staphylococcus aureus cadC	37.0	71.3	108	cadmium resistance protein

【0326】

【表117】

第1-117 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一義長 (aa)	機能
3057	6557	2968951	2969808	858	pirH75109	<i>Pyrococcus abyssi</i> Orsay PAB0492	23.7	63.3	283	cation efflux system protein (zinc/cadmium)
3058	6558	2969834	2971003	1170	gpAB010439.1	<i>Rhodococcus rhodochrous</i> IFO3338	22.5	45.4	476	monooxygenase or oxidoreductase or steroid monooxygenase
3059	6559	2971017	2972057	1041	spLLUXA_KRYAS	<i>Kryptomonas alfredi symbiont</i> luxA	21.1	47.4	399	alkanal monooxygenase alpha chain
3060	6560	2972089	2971338	762	spMETB_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 metB	38.5	62.4	375	cystathionine gamma-lyase
3061	6561	2973205	2972060	1148	spSC1A2_11	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SC1A2.11	40.2	87.9	184	bacterial regulatory protein, lacI family
3062	6562	2973798	2973230	567	gpSC1A2_11	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SCE20.34c arr	48.4	65.2	89	rifampin ADP-ribosyl transferase
3063	6563	2973961	2974200	240	gpSCE20_34	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SCE20.34c arr	73.2	87.5	58	rifampin ADP-ribosyl transferase
3064	6564	2974200	2974382	183	gpSCE20_34	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SCE20.34c arr	30.5	58.2	361	hypothetical protein
3065	6565	2974467	2976591	1125	pirE70812	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv0837c	33.8	84.7	204	hypothetical protein
3066	6566	2975629	2976360	732	pir-D70812	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv0836c	31.9	60.8	386	oxidoreductase
3067	6567	2976596	2977774	1179	pir-D70834	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv0385	32.0	87.3	275	N-carbamoyl-D-amino acid amidohydrolase
3068	6568	2978644	2977847	798	pir-B69109	<i>Methanobacterium</i> thermoautotrophicum Delta H MTH1811				
3069	6569	2978737	2978979	243		<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SCA47.03	28.0	55.4	289	hypothetical protein
3070	6570	2978982	2980115	1134	gpSCA47_3	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SCA47.03	38.0	44.0	108	novel two-component regulatory system
3071	6571	2980887	2981216	330	GPABGARRA_2	<i>Azospirillum brasilense</i> carR	89.6	90.3	507	aldehyde dehydrogenase
3072	6572	2981698	2980181	1518	prc210433d	<i>Rhodococcus erythropolis</i> theA	47.4	70.4	135	heat shock transcription regulator
3073	6573	2982460	2982023	438	gpSAU43299_2	<i>Streptomyces albus</i> G hspR	56.7	80.1	397	heat shock protein dnaJ
3074	6574	2983679	2982495	1185	spDNAJ_MYGTU	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv0352 dnaJ				nucleotide exchange factor gpe protein bound to the ATPase domain of the molecular chaperone DnaK
3076	6575	2984522	2983887	636	gpGRPE_STRCO	<i>Streptomyces coelicolor</i> gpeE	38.7	65.5	212	heat shock protein dnaK
3078	6578	2986397	2984544	1854	gspR84687	<i>Brevibacterium flavum</i> MJ-233 dnaK	99.8	99.8	618	hypothetical membrane protein
3077	6577	2986833	2988164	1332	gpSCF8_8	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SCF8.09	42.6	79.0	338	

[0327]

【表118】

第1-118 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3076	6576	2988846	2988214	633	sp:PFS_HELPY	Helicobacter pylori HP0089 mtm	27.2	60.0	195	5'-methylthioadenosine nucleosidase and S-adenosylhomocysteine nucleosidase
3079	6579	2990045	2988846	1200						
3080	6580	2991718	2992602	885						
3081	6581	2993288	2989954	3333	sp:CUT3_SCHPO	Schizosaccharomyces pombe cut3	18.9	48.4	1311	chromosome segregation protein
3082	6582	2993921	2993286	636						
3083	6583	2995405	2993921	1465						
3084	6584	2996781	2995747	1035	sp:ADH2_BACST	Bacillus stearothermophilus DSM 2384 adh	50.0	81.7	334	alcohol dehydrogenase
3085	6585	2997151	2997306	216						
3086	6586	2997087	2997481	207						
3087	6587	2997888	2997876	189						
3088	6588	2998223	2997983	261						
3089	6589	2999454	2999528	927	pir:F6997	Bacillus subtilis ynmM	43.5	70.1	301	hypothetical membrane protein
3090	6590	3000200	2999478	723	sp:SC7A8.10	Streptomyces coelicolor A3(2) SC7A8.10c	32.5	53.2	252	hypothetical protein
3091	6591	3001512	3002428	915						
3092	6592	3001539	3000241	1299	sp:CYSN_ECOLI	Escherichia coli K12 cysN	47.3	78.3	414	sulfate adenylyltransferase, subunit I
3093	6593	3002453	3001542	912	sp:CYSD_ECOLI	Escherichia coli K12 cysD	46.1	70.1	308	sulfate adenylyltransferase, small chain
3094	6594	3003145	3002453	693	sp:CYH1_BACSU	Bacillus subtilis cysH	39.2	64.2	212	phosphoadenosine phosphosulfate reductase
3095	6595	3005162	3003480	1683	sp:NIR_STNPF	Synechococcus sp. POC 7942	34.5	65.5	502	ferredoxin-nitrate reductase
3096	6596	3005545	3008915	1371	sp:ADRO_YEAST	Saccharomyces cerevisiae FL200 adh1	30.8	61.4	487	ferredoxin/ferredoxin-NADP reductase
3097	6597	3007294	3008376	1083	prf:2420284.1	Homo sapiens htpE	32.0	59.7	144	huntingtin interactor
3098	6598	3008669	3008453	237						
3099	6599	3008770	3008303	534						
3100	6600	3009162	3008749	414	sp:PHNB_ECOLI	Escherichia coli K12 phnB	26.8	59.9	142	alkylphosphonate uptake protein and C-P lyase activity
3101	6601	3009242	3009607	366	sp:SCE08.10	Streptomyces coelicolor A3(2) SCE08.10	50.0	68.3	80	hypothetical protein
3102	6602	3010231	3006710	522	sp:PPAMDA.1	Pseudomonas putida DSM2 ID 88-260 amoA	39.1	78.4	161	ammonia monooxygenase
3103	6603	3010659	3010978	321						
3104	6604	3010928	3010441	488						
3105	6605	3010989	3011273	285	SP:YTZ3_AGRVI	Agrobacterium vitis ORF23	41.0	58.0	98	hypothetical protein
3106	6606	3011805	3011242	584						

【0328】

【表119】

第1-119 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	クマツチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一置換 (aa)	機能
3107	6607	3012809	3011808	1002	sp:YGB7_ALCEU	<i>Alcaligenes eutrophus</i> H18 ORF7	28.1	57.9	337	hypothetical protein
3108	6608	3013798	3013106	693	sp:HU68399_3	<i>Haemophilus influenzae</i> hmcB	35.7	64.8	199	ABC transporter
3109	6609	3014550	3013837	714	sp:HU68399_3	<i>Haemophilus influenzae</i> hmcB	39.3	73.0	211	ABC transporter
3110	6610	3014616	3015824	1209	pirA69778	<i>Bacillus subtilis</i> ydeG	30.8	57.8	416	metabolite transport protein homolog
3111	6611	3016468	3014848	822						
3112	6612	3016238	3016924	687	sp:DAPE_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 msdB	21.5	48.5	466	succinyl-diaminopimelate desuccinylase
3113	6613	3017149	3015827	1323						
3114	6614	3017316	3019220	1905						
3115	6615	3017639	3018312	774						
3116	6616	3018181	3017420	782	GPU:DCA297422_1	<i>Daucus carota</i>	33.0	46.0	114	dehydrin-like protein
3117	6617	3019076	3018123	954						
3118	6618	3020609	3019542	1068	sp:MAIK_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 malK	24.9	50.1	373	maltose/maltodextrin transport ATP-binding protein
3119	6619	3021202	3020581	642						
3120	6620	3021825	3021208	618	gp:AF006485_8	<i>Lactococcus lactis</i> Plasmid pNZ4000 Orf-200 chim	30.2	67.6	179	cobalt transport protein
3121	6621	3022928	3022113	816	sp:FRP_VIBHA	<i>Vibrio Harveyi</i> MAY frp	37.2	71.4	231	NADPH-flavin oxidoreductase
3122	6622	3023900	3022996	903	sp:IUNH_GRIFA	<i>Citrobacter fasciculata</i> iunH	28.4	59.3	317	inosine-uridine preferring nucleoside hydrolase
3123	6623	3024378	3025353	875	gp:SCE20_8	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SCE20.08c	31.2	59.4	276	hypothetical membrane protein
3124	6624	3025552	3026139	588	sp:3MG1_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 tag	50.3	78.8	179	DNA-3-methyladenine glycosylase
3125	6625	3027299	3028142	1158	sp:HMPA_ALCEU	<i>Alcaligenes eutrophus</i> H18 fhp	33.5	63.8	408	flavo-hemoprotein
3126	6626	3027561	3028163	603						
3127	6627	3028268	3028891	624	gp:SCO276671_18	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) rmyQ	34.8	63.8	210	oxidoreductase
3128	6628	3028878	3029033	156						
3129	6629	3028474	3028884	591	sp:BGLG_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 bgIC	28.1	69.3	192	transcription antiterminator or beta-glucoside positive regulatory protein
3130	6630	3029504	3029782	279						
3131	6631	3030081	3029702	380	sp:ABQA_GLOLO	<i>Glostridium longisporum</i> B6405 abgA	43.7	59.9	167	6-phospho-beta-glucosidase
3132	6632	3030155	3030535	381						
3133	6633	3030340	3030101	240	sp:ABQA_GLOLO	<i>Glostridium longisporum</i> B6405 abgA	43.9	78.8	66	6-phospho-beta-glucosidase
3134	6634	3030723	3031978	1257	gp:L78665_2	<i>Methylobacillus flagellatus</i> aet	53.7	80.9	402	aspartate aminotransferase
3135	6635	3032647	3032148	300						

【0329】

【表120】

第1-120 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	ホムッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3136	6638	3032661	3033863	1203	gp:AF189147.1	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 tnp	100.0	100.0	401	transposase (ISCG2)
3137	6637	3034181	3035437	1257	gp:SCQ11.10	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SCQ11.10c	33.6	70.2	399	hypothetical membrane protein
3138	6638	3034287	3034105	183						
3139	6639	3039756	3035440	1317	prf2422318B	<i>Sinorhizobium meliloti</i> rfaK	40.5	72.2	442	UDP-glucose dehydrogenase
3140	6640	3037411	3038845	587	sp:DDO ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 dcd	43.8	72.3	188	deoxycytidine triphosphate deaminase
3141	6641	3037675	3037911	237						
3142	6642	3038172	3038942	771	gp:SCC75A.18	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SCC75A.18c	30.9	58.4	220	hypothetical protein
3143	6643	3040681	3038993	1889						
3144	6644	3041932	3040748	1185	gp:ABO08771.1	<i>Streptomyces thermoviolaceus</i> negA	28.5	58.1	410	beta-N-Acetylglucosaminidase
3145	6645	3041994	3042437	444						
3146	6646	3042503	3042703	201						
3147	6647	3042860	3045788	3128	gp:MLCB1883.7	<i>Mycobacterium leprae</i> MLCB1883.13c	29.6	49.4	1418	hypothetical protein
3148	6648	3043642	3043022	621						
3149	6649	3045786	3045890	195						
3150	6650	3047146	3048048	803	gp:MLCB1883.4	<i>Mycobacterium leprae</i> MLCB1883.05c	24.8	47.1	363	hypothetical membrane protein
3151	6651	3047189	3046122	1068	pir:JC4001	<i>Streptomyces</i> sp. acyA	27.7	51.0	408	acylttransferase or macrolide 3-O-acylttransferase
3152	6652	3047804	3047197	708						
3153	6653	3048058	3049479	1422	gp:MLCB1883.3	<i>Mycobacterium leprae</i> MLCB1883.04c	31.2	54.8	529	hypothetical membrane protein
3154	6654	3050522	3051180	669						
3155	6655	3050592	3049456	1137	pir:G70981	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv0225	53.4	79.1	389	hexosyltransferase
3156	6656	3051194	3051964	771	pir:F70961	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv0224c	58.6	73.3	251	methyl transferase
3157	6657	3053891	3052002	1830	sp:PPOK NEOFR	<i>Neocallimastix frontalis</i> pepck	54.7	78.5	601	phosphoenolpyruvate carboxylase (GTP)
3158	6658	3054759	3055769	1011	pir:E75125	<i>Pyrococcus abyssi</i> Orsay PAB2393	24.4	52.7	332	C4-dicarboxylate transporter
3159	6659	3055887	3056431	765	sp:YGGH ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 yggH	35.7	67.2	241	hypothetical protein
3160	6660	3056613	3057317	705	pir:E70959	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv0207c	68.1	85.0	207	hypothetical protein

[0330]

【表121】

第1-121 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3161	6661	3057328	3059843	2316	pir-C70839	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0208c mmpl3	42.3	72.3	768	membrane transport protein
3162	6662	3059517	3058096	1422						
3163	6663	3059651	3060733	1083	pir-A70839	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0204c	29.1	62.9	364	hypothetical membrane protein
3164	6664	3060733	3061095	363	pir-H70833	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0401	34.3	69.4	108	hypothetical membrane protein
3165	6665	3062927	3061380	1548	sp-AF113605.1	Streptomyces coelicolor A3(2) pccB	49.7	76.9	523	propionyl-CoA carboxylase complex B subunit
3166	6666	3067780	3062951	4830	sp-ERY1_SACER	Streptomyces erythraeus sDVA	30.2	54.2	1747	polyketide synthase
3167	6667	3069930	3068143	1768	prf-2310345A	Mycobacterium bovis BCG	33.5	62.3	592	acyl-CoA synthase
3168	6668	3071140	3070214	927	pir-F70887	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3802c	39.8	67.4	319	hypothetical protein
3169	6669	3071644	3071147	498						
3170	6670	3073820	3071650	1971	sp-CSP1_CORGL	Corynebacterium glutamicum (Brevibacterium flavum) ATCC 17865 cop1	98.6	99.5	657	major secreted protein PSI protein precursor
3171	6671	3074047	3075447	1401						
3172	6672	3074075	3073957	219						
3173	6673	3076682	3076540	1023	sp-A85C_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis ERDMANN Rv0129C fbpC	36.3	62.5	331	antigen 85-C
3174	6674	3078772	3076715	2058	pir-A70888	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3805c	37.5	61.2	667	hypothetical membrane protein
3175	6675	3079848	3078853	998	sp-NOEC_AZOGA	Azotobacterium azotodans ORS571 noeC	27.1	51.5	295	modulation protein
3176	6676	3080351	3079848	504	pir-C70888	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3807c	51.2	75.0	168	hypothetical protein
3177	6677	3082311	3080344	1968	pir-D70888	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3808c	55.6	74.7	656	hypothetical protein
3178	6678	3082467	3083960	1494						
3179	6679	3084411	3083935	477	sp-BCRC_BACLI	Bacillus licheniformis ATCC 9945A berC	28.2	58.5	170	phosphatidic acid phosphatase
3180	6680	3085200	3084424	777						
3181	6681	3085727	3085218	510						
3182	6682	3085747	3087048	1302	sp-FMO1_PIQ	Sus scrofa fmo1	24.4	50.4	377	dimethylaniline monooxygenase (N-oxide- forming)
3183	6683	3087665	3088276	612						
3184	6684	3088303	3087101	1203	sp-GLF_ECOLI	Escherichia coli K12 rif	43.2	72.9	377	UDP-galactopyranose mutase

【0331】

【表122】

第1-122 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッパ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一般長 (aa)	機能
3185	6685	3088616	3090664	2049	pir-G70520	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3811 csp	29.6	47.8	659	hypothetical protein
3186	6686	3092286	3090780	1527	sp:GLPK_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa ATCC 15692 gpk	51.7	78.8	499	glycerol kinase
3187	6687	3093175	3092342	834	pir-A70521	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3813c	41.6	70.3	279	hypothetical protein
3188	6688	3094050	3093175	876	pir-D70521	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3816c	46.7	72.0	281	acyltransferase
3189	6689	3095343	3094078	1266	gsp-W26465	Mycobacterium tuberculosis H37Rv	70.2	87.6	419	seryl-tRNA synthetase
3190	6690	3095574	3096287	714	sp:FARR_ECOLI	Escherichia coli K12 farR	27.7	81.7	235	transcriptional regulator, GntR family or fatty acyl-responsive regulator
3191	6691	3096311	3097423	1113	pir-H70652	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3835	32.6	61.2	356	hypothetical protein
3192	6692	3097423	3097764	342	pir-A70653	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3836	40.0	79.7	113	hypothetical protein
3193	6693	3097878	3097780	99	gp-AMU73808_1	Amycolatopsis methanolica pgm	37.2	62.8	218	2,3-PDG dependent phosphoglycerate mutase
3194	6694	3098572	3097904	669	pir-F2501285A	Mycobacterium smegmatis pzaA	27.4	50.9	460	nicotinamide or pyrazinimidease
3195	6695	3098825	3099454	630	gp-SC6G4_33	Streptomyces coelicolor A3(2)	31.6	57.1	380	transcriptional regulator
3196	6696	3099556	3100698	1143	pir-B26872	Streptomyces lavendulae ORF372	43.9	81.3	107	hypothetical protein
3197	6697	3100698	3101426	729	sp:AMVH_YEAST	Saccharomyces cerevisiae S288C YFR019C eta1	28.7	55.3	432	glucan 1,4-alpha-glucosidase
3198	6698	3101734	3102768	1035	sp:GLPQ_BACSU	Bacillus subtilis glpQ	29.0	54.1	259	glycerophosphoryl diester phosphodiesterase
3199	6699	3101863	3101744	120	sp:GNTP_BACSU	Bacillus subtilis gntP	37.3	71.9	456	glucanate permease
3200	6700	3102630	3102079	552	sp:KPYK_COROL	Gorynebacterium glutanicum AS019 pyk	25.5	47.7	491	pyruvate kinase
3201	6701	3102894	3103763	870						
3202	6702	3103926	3104252	327						
3203	6703	3104406	3105719	1314						
3204	6704	3106970	3106053	918						
3205	6705	3107769	3106951	819						
3206	6706	3108131	3109519	1389						
3207	6707	3109464	3108823	842						
3208	6708	3109845	3110003	159						
3209	6709	3112080	3110464	1617						

【0332】

【表123】

第1-123 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3210	6710	3113360	3112449	942	gpc:Y25997	<i>Brevibacterium flavum</i> lctA	99.7	99.7	314	L-lactate dehydrogenase
3211	6711	3113819	3115394	1776	pir-G70893	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv1088c	33.5	64.8	526	hypothetical protein
3212	6712	3115407	3116042	636	gpc:SC1C2_30	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2) SC1C2_30	32.1	58.5	224	hydrolase or haloacid dehalogenase-like hydrolase
3213	6713	3116079	3116621	543	gpc:AF030288.1	<i>Brevibacterium linens</i> ORF1 tmpA	39.9	67.6	188	efflux protein
3214	6714	3116840	3117332	693	sp:GLCC_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 MG1655 gpcC	27.8	57.0	221	transcription activator or transcriptional regulator GntR family
3215	6715	3117336	3118121	786	pir-B70885	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2795c	47.8	68.6	255	phosphoesterase
3216	6716	3118284	3119582	1299	sp:SHIA_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 shiA	37.9	74.4	422	shikimate transport protein
3217	6717	3119665	3120879	1215	prf-2219306A	<i>Neisseria meningitidis</i> lldA	40.4	68.9	376	L-lactate dehydrogenase or FMN- dependent dehydrogenase
3218	6718	3120809	3121313	405	sp:RPC_BPPIH	<i>Bacillus phage phi-105</i> ORF1	45.5	80.0	55	immunity repressor protein
3219	6719	3121598	3121909	312	gpc:CELY51B11A_1	<i>Caenorhabditis elegans</i> Y51B11A.1	29.5	51.3	569	phosphatase or reverse transcriptase (RNA-dependent)
3220	6720	3122128	3121992	138	sp:ILL1_ARATH	<i>Arabidopsis thaliana</i> ill1	38.9	83.1	122	peptidase or LAA-amino acid hydrolase
3221	6721	3123222	3123832	711	sp:PMSR_ECOLI	<i>Escherichia coli</i> B msrA	47.6	69.1	210	peptide methionine sulfoxide reductase
3222	6722	3124172	3122556	1617	pir-J40858	<i>Corynebacterium pseudodiphtheriticum</i> sod	82.3	92.7	164	superoxide dismutase (Fe/Mn)
3223	6723	3124886	3124341	548	gpc:GLTC_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> gltC	32.5	65.8	292	transcriptional regulator
3224	6724	3125298	3124897	402	gpc:AF121000.10	<i>Corynebacterium glutamicum</i> tetA	23.4	49.0	384	multidrug resistance transporter
3225	6725	3125343	3125492	150						
3226	6726	3126145	3125495	651						
3227	6727	3126392	3126991	600						
3228	6728	3128417	3127494	924						
3229	6729	3128606	3128739	1134						
3230	6730	3129785	3131395	1811						
3231	6731	3132820	3132030	111						
3232	6732	3133028	3131508	1521						
3233	6733	3133115	3133747	633	pir-G70654	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv3850	33.8	64.8	216	hypothetical protein
3234	6734	3135268	3133778	1491	prf-2508244AB	<i>Streptomyces cyanogenus</i> lanJ	27.3	59.3	447	membrane transport protein
3235	6735	3135297	3135752	456	gpc:YXAD_BACSU	<i>Bacillus subtilis</i> 168 yadD	37.2	65.0	137	transcriptional regulator
3236	6736	3136491	3136566	636	prf-2518330B	<i>Corynebacterium diphtheriae</i> chrA	50.9	75.5	212	two-component system response regulator
3237	6737	3136920	3137558	639						

【0333】

【表1.24】

第1-124 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3238	6738	3137884	3138471	588						
3239	6739	3137903	3138593	1311	prf2518330A	<i>Corynebacterium diptheriae</i> chrS	30.2	64.5	408	two-component system sensor histidine kinase
3240	6740	3138630	3138481	150	gpSCH69_22	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2)	45.8	79.2	48	hypothetical protein
3241	6741	3139455	3138634	822	gpSCH69_20	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2)	30.0	69.2	277	hypothetical protein
3242	6742	3139651	3140952	1302	gpSP3J_BACSU	SCH89_20c				
3243	6743	3141523	3140885	639	pir-C70948	<i>Bacillus subtilis</i> spoIIIJ	26.0	53.6	265	stage III sporulation protein
3244	6744	3141980	3141709	261	gpTAG1_ECOLI	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv3173c	32.3	60.9	192	transcriptional repressor
3245	6745	3143356	3142454	903	sp-YW12_MYCTU	<i>Escherichia coli</i> K12 MG1655 tag1	34.5	71.3	87	transglycosylase-associated protein
3246	6746	3144482	3143496	987	sp-YHBW_ECOLI	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2005c	41.2	69.6	286	hypothetical protein
3247	6747	3144861	3145628	966	sp-YBC5_CHLVI	<i>Escherichia coli</i> K12 MG1655 ybbW	36.5	73.9	314	hypothetical protein
3248	6748	3146589	3146841	273	GSP_Y3814	<i>Chlorobium vibrioforme</i> ybc5	28.4	51.2	334	RNA pseudouridyate synthase
3249	6749	3147090	3147230	141	PIRF81737	<i>Chlamydia pneumoniae</i>	61.0	88.0	84	hypothetical protein
3250	6750	3151575	3151369	207		<i>Chlamydia muridarum</i> Nigg	71.0	75.0	42	hypothetical protein
3251	6751	3152204	3151842	363	sp-GLOC_ECOLI	TC0129				
3252	6752	3152413	3153828	1416	gp-SC4G8_31	<i>Escherichia coli</i> K12 MG1655 glcC	30.3	58.0	109	bacterial regulatory protein, gntR family or gds operon transcriptional activator
3253	6753	3154766	3153894	873	sp-35KD_MYCTU	<i>Streptomyces coelicolor</i> SC4G8_31c	26.0	48.2	488	hypothetical protein
3254	6754	3154817	3154969	153		<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2744c	48.3	78.7	267	hypothetical protein
3255	6755	3156697	3155248	1452						
3256	6756	3157373	3156306	1088						
3257	6757	3157471	3157223	249						
3258	6758	3157787	3157479	309						
3259	6759	3158124	3158834	711	gp-SCD35_11	<i>Streptomyces coelicolor</i> A3(2)	32.3	58.1	217	methyltransferase
3260	6760	3159800	3159081	720	sp-NO21_SOYBN	SCD35_11c	26.1	55.2	241	nodulin 21-related protein
3261	6761	3160216	3160419	204						
3262	6762	3160688	3161065	378						
3263	6763	3160816	3161001	186						

【0334】

【表125】

第1-125 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3264	6764	3160938	3160723	216	sp:TNP5_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa TNP5	48.2	92.9	55	transposon tn501 resolvase
3265	6765	3161219	3161701	483	sp:FER_SAGER	Saccharopolyspora erythraea fer	90.3	98.4	62	ferredoxin precursor
3266	6766	3161407	3161087	321	sp:SC031_14	Streptomyces coelicolor A3(2)	47.3	85.5	55	hypothetical protein
3267	6767	3162014	3161892	333	GPU:AF164956.8	Corynebacterium glutamicum Tn61873	81.0	84.0	27	transposase
3268	6768	3162694	3162804	111	GPU:AF164956.8	Corynebacterium glutamicum Tn61873	81.0	84.0	27	transposase
3269	6769	3162710	3162871	162	GPU:AF164956.8	Corynebacterium glutamicum Tn61873	81.0	84.0	27	transposase
3270	6770	3162852	3163889	1038	sp:GJP_PYRWO	Pyrococcus woesei gap	63.2	84.2	38	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (pseudogene)
3271	6771	3162983	3162858	126	sp:GJP_PYRWO	Pyrococcus woesei gap	63.2	84.2	38	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (pseudogene)
3272	6772	3163733	3163074	660	pir:S77018	Synechocystis sp. PCC6803	32.2	59.4	180	lipoprotein
3273	6773	3160005	3163789	2217	pir:H69208	Archaeoglobus fulgidus AF0152	45.8	73.4	717	copper/potassium-transporting ATPase B or cation transporting ATPase (E1-E2 family)
3274	6774	3166437	3166267	171						
3275	6775	3166978	3167169	192						
3276	6776	3167046	3166450	1197	sp:BAES_ECOLI	Escherichia coli K12 baesS	37.5	71.4	301	two-component system sensor histidine kinase
3277	6777	3167739	3168566	828						
3278	6778	3169401	3167646	756	sp:PHOP_BACSU	Bacillus subtilis phoP	43.4	72.1	233	two-component response regulator or alkaline phosphatase synthesis transcriptional regulatory protein
3279	6779	3168689	3169340	652	sp:COPA_PSESM	Pseudomonas syringae pv. tomato copA	26.7	47.9	630	laccase or copper resistance protein precursor A
3280	6780	3169414	3170892	1479	sp:TLPB_BRAJA	Bradyrhizobium japonicum tlpA	31.7	63.4	101	thiol-disulfide interchange protein (cytochrome c biogenesis protein)
3281	6781	3171254	3171616	363	sp:QOR_MOUSE	Mus musculus qor	31.4	60.9	322	quinone oxidoreductase (NADPH:quinone reductase)(beta-crystallin)
3282	6782	3172536	3171819	918	sp:ATZN_SYNY3	Synechocystis sp. PCC6803 atzN	37.2	66.7	78	zinc-transporting ATPase (Zn ²⁺)-translocating p-type ATPase
3283	6783	3172895	3173465	471						
3284	6784	3173624	3173857	234						
3285	6785	3174066	3174380	315						
3286	6786	3174890	3174784	207						
3287	6787	3175027	3176901	1875	sp:ATZN_ECOLI	Escherichia coli K12 MG1655 atzN	39.8	68.5	606	zinc-transporting ATPase (Zn ²⁺)-translocating p-type ATPase

【0335】

【表126】

第1-126 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	ドメイン	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3288	6788	3175643	3175254	390	PIRE72491	<i>Aeropyrum pernix</i> K1 APE2572	45.0	54.0	72	hypothetical protein
3289	6788	3177174	3177482	309		<i>Corynebacterium glutamicum</i> Top1673	58.0	73.0	73	transposase
3290	6790	3177304	3177089	216	GPU:AF164956.8	<i>Corynebacterium glutamicum</i> Top1673	75.0	77.0	70	transposase
3291	6791	3177565	3177308	258	GPU:AF164956.8	<i>Corynebacterium glutamicum</i> 22243 Plasmid PAG1 tnpB	82.5	96.2	53	transposase (S1628)
3292	6792	3177863	3177525	159	gp:AF121000.9	<i>Escherichia coli</i> K12 tht2	38.0	74.0	100	thioredoxin
3293	6793	3178558	3178112	447	sp:TH2 ECOLI	<i>Pseudomonas putida</i> peak	27.1	60.1	421	transmembrane transport protein or 4-hydroxybenzoate transporter
3294	6794	3178908	3178872	284	sp:PCAK_PSEPU	<i>Escherichia coli</i> K12 xgl	33.1	82.5	208	hypothetical protein
3295	6795	3179049	3180392	1344	sp:YQJ ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 dnaB	37.7	73.1	461	replicative DNA helicase
3296	6796	3181104	3180948	159	sp:DNAB ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 RL9	42.2	71.4	154	50S ribosomal protein L9
3297	6797	3181128	3180551	578	sp:YQJ ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 tsb	30.8	51.5	279	single-strand DNA binding protein
3298	6798	3182666	3181337	1530	sp:SSB ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 RS6	28.3	78.3	92	30S ribosomal protein S6
3299	6799	3183469	3183984	516	sp:RL9 ECOLI	<i>Mycobacterium smegmatis</i> mc(2)155	41.5	68.3	480	hypothetical protein
3300	6800	3183927	3183478	450	sp:SSB ECOLI	<i>Bacillus subtilis</i> ponA	28.1	60.1	847	penicillin-binding protein
3301	6801	3184661	3183987	675	sp:RS6 ECOLI	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv0049	41.1	72.0	107	hypothetical protein
3302	6802	3184985	3184701	285	sp:RS6 ECOLI	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv0042c	35.1	65.0	137	bacterial regulatory protein, marR family
3303	6803	3185536	3185348	189	gp:AF187306.1	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv2319c yofF	28.7	61.8	298	hypothetical protein
3304	6804	3186993	3185538	1458	sp:YQJ ECOLI	<i>Bacillus subtilis</i> yhcG	32.4	70.4	71	hypothetical protein
3305	6805	3187912	3188793	882	sp:YQJ ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 ysaA	34.2	63.8	298	hypothetical protein
3306	6806	3189201	3187042	2180	sp:YQJ ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 ynfZ	31.2	64.0	433	ABC transporter ATP-binding protein
3307	6807	3189652	3189296	357	sp:YQJ ECOLI	<i>Escherichia coli</i> K12 M01055 ynfZ	46.9	80.1	221	ABC transporter ATP-binding protein
3308	6808	3189877	3190347	471	sp:YQJ ECOLI	<i>Campylobacter jejuni</i> Cp0606	18.0	42.0	237	hypothetical protein
3309	6809	3190378	3191318	942	sp:YQJ ECOLI	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37Rv Rv0046c	77.8	90.0	380	hypothetical protein
3310	6810	3191354	3191848	495	sp:YQJ ECOLI					
3311	6811	3192242	3191922	321	sp:YQJ ECOLI					
3312	6812	3193201	3192286	938	sp:YQJ ECOLI					
3313	6813	3194514	3193252	1263	sp:YQJ ECOLI					
3314	6814	3195203	3194514	690	sp:YQJ ECOLI					
3315	6815	3197188	3195210	1977	sp:YQJ ECOLI					
3316	6816	3197412	3198500	1088	sp:YQJ ECOLI					

【0336】

【表127】

第1-127 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッパ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一級基 (aa)	機能
3317	6817	3199187	3198582	606						
3318	6818	3200886	3199202	1485						
3319	6819	3201754	3201260	495	sp:DPS_ECOLI	Escherichia coli K12 dps	37.7	84.9	164	DNA protection during starvation protein
3320	6820	3201900	3202712	813	sp:EPG_ECOLI	Escherichia coli K12 mudM or fex	28.4	55.8	268	formamidopyrimidine-DNA glycosylase
3321	6821	3202952	3204100	1148	sp:RTCB_ECOLI	Escherichia coli K12 rtcB	47.5	66.6	404	hypothetical protein
3322	6822	3204067	3203979	1089						
3323	6823	3204156	3204728	573						
3324	6824	3205204	3204731	474	sp:MGMT_HUMA	Homo sapiens mgmt	38.0	63.3	166	methylated-DNA-protein-cysteine S-methyltransferase
3325	6825	3206232	3205222	1011	sp:QOR_CAVPO	Cavia porcellus (Guinea pig) qor	33.3	83.8	231	zinc-binding dehydrogenase or quinone oxidoreductase (NADPH:quinone reductase) or alkaline lyase
3326	6826	3206646	3208756	111						
3327	6827	3206849	3208024	1176	sp:YDEA_ECOLI	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv0191 ydeA	28.4	86.3	388	membrane transport protein
3328	6828	3208279	3209464	1176	sp:AF234535.1	Corynebacterium melaleucola (Corynebacterium glutamicum) ATCC 17965 male	99.7	99.5	392	malate oxidoreductase [NAD] (malic enzyme)
3329	6829	3211186	3209705	1482	sp:ONTK_BAGSU	Bacillus subtilis nrtK	24.5	51.7	486	glucokinase or glucosyl transferase
3330	6830	3211838	3211246	587	sp:VANZ_ENTFC	Enterococcus faecium vanZ	27.8	60.4	189	teicoplanin resistance protein
3331	6831	3212428	3211904	525	sp:VANZ_ENTFC	Enterococcus faecium vanZ	27.0	159.0	159	teicoplanin resistance protein
3332	6832	3212588	3213931	1344	sp:NERA_STAAU	Staphylococcus aureus merA	29.9	85.8	448	mercuryl reductase
3333	6833	3215163	3213934	1230	sp:DADA_ECOLI	Escherichia coli K12 dadA	27.3	54.5	444	D-amino acid dehydrogenase small subunit
3334	6834	3216759	3218251	1503						
3335	6835	3217215	3216886	330						
3336	6836	3217777	3217457	321						
3337	6837	3217953	3218601	609	sp:NOX_THETH	Thermus thermophilus nox	25.8	55.2	194	NAD(P)H nitroreductase
3338	6838	3218777	3219700	924						
3339	6839	3221044	3222495	1452						
3340	6840	3222833	3219778	2856	sp:SYL_BAGSU	Bacillus subtilis syl	47.7	88.1	943	leucyl-tRNA synthetase
3341	6841	3222722	3223150	429	sp:YBAN_ECOLI	Escherichia coli K12	40.4	40.4	104	hypothetical membrane protein
3342	6842	3223446	3223089	357	sp:VAPI_BAGNO	Dichelobacter nodosus vapi	55.8	81.4	88	virulence-associated protein
3343	6843	3224601	3225374	774						
3344	6844	3224714	3223992	723	sp:SCC54_19	Streptomyces coelicolor SCC54_19	31.6	53.8	247	hypothetical protein

【0337】

【表128】

第1-128 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF量 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致量 (aa)	機能
3346	6846	3225554	3224718	837	sp:HPOE_ECOLI	Escherichia coli K12 hpdE	28.5	50.3	298	bifunctional protein (homoprotocatechuate catabolism bifunctional isomerase/decarboxylase) (2-hydroxyhepta-2,4-diene-1,7-diole isomerase and 5-carboxymethyl-2-oxo-hept-2-ene-1,7-diole decarboxylase)
3348	6848	3226687	3225583	1125	sp:AF173187.1	Pseudomonas alcaligenes xhE	34.2	84.3	339	gentisate 1,2-dioxygenase or 1-hydroxy-2-naphthoate dioxygenase
3347	6847	3227689	3226910	780	sp:KQOR_ERWCH	Pectobacterium chrysanthemi kqR	25.3	80.7	229	bacterial regulatory protein, laci family or pectin degradation repressor protein
3348	6848	3227724	3229079	1356	sp:PCAK_PSEPU	Pseudomonas putida peak	27.5	60.8	454	transmembrane transport protein or 4-hydroxybenzoate transporter
3348	6849	3228119	3230444	1326	prf:J708191A	Pseudomonas putida	28.2	49.4	478	salsylate hydroxylase
3350	6850	3232304	3231054	1251	sp:EAT2_HUMAN	Homo sapiens eat2	25.4	54.4	507	proton/glutamate symporter or excitatory amino acid transporter2
3351	6851	3232598	3233105	510	pln:JC328	Corynebacterium glutamicum AS018 ORF1	89.4	99.4	170	tryptophan-specific permease
3352	6852	3233403	3234958	1554	sp:TRPE_BRELA	Brevibacterium lactofermentum trpE	89.2	98.8	515	anthranilate synthase component 1
3353	6853	3233420	3233250	171		Brevibacterium lactofermentum trpG				
3354	6854	3234958	3235579	624	TRPQ_BRELA	Brevibacterium lactofermentum trpG	99.0	100.0	208	anthranilate synthase component 2
3355	6855	3235602	3236845	1044	sp:TRPD_COROL	Corynebacterium glutamicum ATCC 21850 trpD	89.4	99.4	348	anthranilate phosphoribosyltransferase
3356	6856	3236841	3238082	1422	sp:TRPC_BRELA	Brevibacterium lactofermentum trpC	97.3	98.3	474	indole-3-glycerol phosphata synthase (IQPS) and N-(5'-phosphoribosyl) anthranilate isomerase(PRAI)
3357	6857	3237213	3236518	888		Brevibacterium lactofermentum trpB	97.6	97.9	417	tryptophan synthase beta chain
3358	6858	3238082	3238332	1251	sp:TRPB_BRELA	Brevibacterium lactofermentum trpB	95.4	96.5	283	tryptophan synthase alpha chain
3359	6859	3239332	3240171	840	sp:TRPA_BRELA	Brevibacterium lactofermentum trpA	68.6	88.8	521	hypothetical membrane protein
3360	6860	3241851	3240313	1539	sp:SCJ21_17	Streptomyces coelicolor A3(2) SCJ21_17c	30.3	71.7	152	PTS system, IIA component or unknown penicillin phosphotransferase enzyme II, A component
3361	6861	3242088	3241879	810	sp:PTXA_ECOLI	Escherichia coli K12 ptxA				
3362	6862	3242854	3243759	908	sp:NOSE_PSEST	Pseudomonas stutzeri	32.5	63.6	305	ABC transporter ATP-binding protein

【0338】

【表129】

第1-129 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (7ミ/酸)	開始 (nt)	終止 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3363	6863	3243759	3245342	1584	sp:SCH10_12	Straptomyces coelicolor A3(2) SCH10_12	25.2	57.2	547	ABC transporter
3364	6864	3245317	3245766	450	sp:UCRL_CHLLT	Chlorobium limicola petC	32.6	63.6	305	cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit (Rieske iron-sulfur protein)
3365	6865	3246931	3245822	1110	sp:NADO_THEBR	Thermoanaerobacter brockii nadO	33.3	64.3	336	NADH oxidase or NADH-dependent flavin oxidoreductase
3366	6866	3247234	3248205	972	sp:YFEH_ECOLI	Escherichia coli K12 yfaH	43.6	74.7	328	hypothetical membrane protein
3367	6867	3248392	3249165	774	sp:SCI11_36	Streptomyces coelicolor A3(2) SCI11_36c	34.0	54.6	262	hypothetical protein
3368	6868	3249534	3249187	348	pir:A28608	Streptomyces coelicolor Plasmid SCP1 mmr	45.1	79.4	102	bacterial regulatory protein, araR family or methylenomycin A resistance protein
3369	6869	3249651	3250742	1092	sp:NADO_THEBR	Thermoanaerobacter brockii nadO	33.4	64.3	347	NADH oxidase or NADH-dependent flavin oxidoreductase
3370	6870	3250758	3251405	648	sp:YMYO_YEAST	Saccharomyces cerevisiae ymyO	31.4	68.5	220	hypothetical protein
3371	6871	3251618	3251468	153						
3372	6872	3251934	3251743	192						
3373	6873	3252300	3252133	168						
3374	6874	3252636	3252316	321						
3375	6875	3252728	3253480	753	sp:BUDC_KLETE	Klebsiella terrigena budO	26.9	62.9	238	acetyl(acetyl) reductase (acetoacetyl dehydrogenase)
3376	6876	3253560	3253739	180	sp:YY34_MYCTU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv2094c	53.5	84.5	58	hypothetical protein
3377	6877	3255182	3253824	1359	sp:DTPT_LACLA	Lactococcus lactis subsp. lactis dtpT	34.5	71.6	469	d-/tripeptide transceptor
3378	6878	3255549	3256719	171						
3379	6879	3256298	3255744	555	sp:ACRR_ECOLI	Escherichia coli K12 acrR	28.1	50.5	188	bacterial regulatory protein, tetR family
3380	6880	3257373	3256471	903	sp:CATA_AGICA	Acinetobacter calcoaceticus cata	31.7	62.2	246	hydroxyund 1,2-dioxygenase
3381	6881	3258491	3257403	1089	sp:TCBF_PSESQ	Pseudomonas sp. P51	43.0	75.5	351	malylacetate reductase
3382	6882	3260084	3258561	1524	sp:XYLE_ECOLI	Escherichia coli K12 xyle	31.4	58.3	513	sugar transporter or D-xylene-proton symporter (D-xylene transporter)
3383	6883	3261129	3261989	861	sp:ICLR_SALTY	Salmonella typhimurium iclR	25.7	60.7	280	bacterial transcriptional regulator or acetate operon repressor
3384	6884	3262145	3263221	1077	sp:YDGL_ECOLI	Escherichia coli K12 ydgJ	27.2	55.7	357	oxidoreductase
3385	6885	3263223	3264115	879	sp:W81761	Listeria innocua strain 4450	25.9	58.2	270	diagnostic fragment protein sequence
3386	6886	3264142	3265146	1005	sp:M12D_BACSU	Shorhizobium meliloti lhaA	26.5	59.6	332	myo-inositol 2-dehydrogenase
3387	6887	3265184	3266266	1083	sp:STRLSTRGR	Streptomyces griseus strI	34.1	62.4	343	dehydrogenase or streptomycin biosynthesis protein

【0339】

【表130】

第1-130 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3388	6888	3267062	3271093	4032	pirC70044	Bacillus subtilis yvnB	33.3	82.7	1242	phosphoesterase
3389	6889	3268557	3267913	645						
3390	6890	3269235	3268618	618						
3391	6891	3271392	3272477	1086	spUNC1 CAEEL	Caenorhabditis elegans unc1	28.6	57.3	208	stomatin
3392	6892	3275231	3274488	744						
3393	6893	3276570	3275802	969						
3394	6894	3281599	3276671	4978	spMBO18905.3	Mycobacterium bovis BCG RvD1-Rv2024c	58.4	80.2	1660	DEAD box RNA helicase family
3395	6895	3282172	3281688	507	prf2323363AAM	Mycobacterium leprae u2268k	34.8	81.0	141	hypothetical membrane protein
3396	6896	3282742	3283101	360						
3397	6897	3282946	3282347	600	sp:THID BAGSU	Bacillus subtilis thid	50.4	76.8	125	phosphomethylpyrimidine kinase
3398	6898	3283141	3283383	243	pirF70041	Bacillus subtilis yvgY	48.3	70.1	67	mercuric ion-binding protein or heavy-metal-associated domain containing protein
3399	6899	3284309	3283473	837	prf2501295A	Corynebacterium glutamicum prp	29.9	62.3	297	ectoine/proline uptake protein
3400	6900	3285355	3284399	957	spFEGB_ECOLI	Escherichia coli K12 fecB	29.4	60.6	279	iron(II) dicitrate-binding periplasmic protein precursor or iron(III) dicitrate transport system permease protein
3401	6901	3285455	3286576	1122	sp:MRF1_SCHPO	Schizosaccharomyces pombe mrf1	27.2	58.0	324	mitochondrial respiratory function protein or zinc-binding dehydrogenase or NADPH guanine oxidoreductase
3402	6902	3286621	3287005	384						
3403	6903	3287297	3287079	219						
3404	6904	3288190	3287993	798	sp:THID BAGSU	Bacillus subtilis thid	46.2	75.5	249	phosphomethylpyrimidine kinase
3405	6905	3288265	3288609	345						
3406	6906	3288685	3288885	201	pirF70041	Bacillus subtilis yvgY	41.8	70.1	67	mercuric ion-binding protein or heavy-metal-associated domain containing protein
3407	6907	3288316	3288871	345	sp:AZLD BAGSU	Bacillus subtilis azid	36.3	65.7	102	branched-chain amino acid transport
3408	6908	3290021	3289311	711	sp:AZLC BAGSU	Bacillus subtilis azid	32.1	67.0	212	branched-chain amino acid transport
3409	6909	3290591	3290025	567	sp:YOGG_ECOLI	Escherichia coli K12 yagE	23.7	56.2	189	hypothetical protein
3410	6910	3291942	3290623	1320	sp:CCA_ECOLI	Escherichia coli K12 cca	26.8	61.8	471	tRNA nucleotidyltransferase
3411	6911	3292632	3293497	966	pirE70600	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3508	43.6	69.2	234	mutator mntT protein
3412	6912	3292882	3292610	273						
3413	6913	3293497	3296007	2511	pirF70600	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3809	25.8	54.3	858	hypothetical membrane protein

【0340】

【表131】

第1-131 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	dbマッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3414	6914	3296156	3298404	3249	pir-G70800	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3910	35.7	80.1	1201	hypothetical membrane protein
3415	6915	3297706	3288428	723						
3416	6916	3299681	3300263	803	ep-RP5H_PSEAE	Pseudomonas aeruginosa algU	30.2	80.9	189	RNA polymerase sigma-H factor or sigma-70 factor (ECF subfamily)
3417	6917	3300371	3301321	951	sp-TRXB_STRCL	Streptomyces clavuligerus trxB	80.4	82.5	308	thioredoxin reductase
3418	6918	3301303	3300119	1185	sp-TH12_CHLRE	Chlamydomonas reinhardtii th12	42.0	76.5	119	thioredoxin ch2, M-type
3419	6919	3301358	3301729	372	sp-GWLB_BAGSU	Bacillus subtilis cw1b	51.0	75.4	198	N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase
3420	6920	3301755	3302998	1242						
3421	6921	3302785	3301989	777						
3422	6922	3303435	3304475	1041						
3423	6923	3303816	3302999	618	pir-D70851	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3918c	34.4	58.5	212	hypothetical protein
3424	6924	3304787	3303636	1152	sp-YG12_PSEPU	Pseudomonas putida YG12	37.8	80.5	387	hypothetical protein
3425	6925	3305871	3304835	837	sp-YG11_PSEPU	Mycobacterium tuberculosis H37Rv pscB	65.0	76.0	272	partitioning or sporulation protein
3426	6926	3306532	3305884	669	sp-GDBB_ECOLI	Escherichia coli K12 gidB	36.0	84.7	153	glucose inhibited division protein B
3427	6927	3307632	3306682	951	pir-A70852	Mycobacterium tuberculosis H37Rv Rv3921c	44.7	75.4	313	hypothetical membrane protein
3428	6928	3308369	3307871	399	sp-RNPA_BAGSU	Bacillus subtilis rnpA	28.8	59.4	123	ribonuclease P protein component
3429	6929	3308747	3308412	336	sp-MAU18185.1	Mycobacterium avium rplH	83.0	93.8	47	50S ribosomal protein L34
3430	6930	3309078	3309321	254						
3431	6931	3309043	3308822	222						
3432	6932	147880	147573	408	sp-AF116184.1	Corynebacterium glutamicum parD	100.0	100.0	136	L-aspartate-alpha-decarboxylase precursor
3433	6933	268001	268154	1848	sp-LEU1_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 leuA	100.0	100.0	616	2-isopropylmalate synthase
3434	6934	268068	268814	255	sp-YLEU_CORGL	Corynebacterium glutamicum (Brevibacterium flavum) ATCC 13032 orfX	100.0	100.0	85	hypothetical protein
3435	6935	270860	271691	1032	sp-DHAS_CORGL	Corynebacterium glutamicum and ASO18 areD	100.0	100.0	344	aspartate-semialdehyde dehydrogenase
3436	6936	446075	446521	447	sp-AF124518.1	Corynebacterium glutamicum	100.0	100.0	149	3-dehydroquinate
3437	6937	528376	527583	1188	sp-EFTU_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13059 tuf	100.0	100.0	396	elongation factor Tu
3438	6938	568452	570771	1320	sp-SECY_CORGL	Corynebacterium glutamicum (Brevibacterium flavum) MJ233 secY	100.0	100.0	440	preprotein translocase secY subunit

【0341】

【表132】

第1-132 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3439	6939	680044	677831	2214	sp:IDH_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 iod	100.0	100.0	738	isocitrate dehydrogenase (oxalosuccinylatedecarboxylase)
3440	6940	720352	718580	1773	prf:2223173A	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 eccBG	100.0	100.0	591	acyl-CoA carboxylase or biotin-binding protein
3441	6941	877838	878148	1311	sp:CISY_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 gltA	100.0	100.0	437	citrate synthase
3442	6942	879276	879629	354	sp:FKBP_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 fbaA	100.0	100.0	118	putative binding protein or peptidyl-prolyl cis-trans isomerase
3443	6943	944988	946780	1786	sp:BETP_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 bapP	100.0	100.0	595	glycine betaine transporter
3444	6944	1030283	1029006	1278	sp:YLIZ_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 orf2	100.0	100.0	428	hypothetical membrans protein
3445	6945	1031871	1030369	1503	sp:LYSI_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 lysI	100.0	100.0	501	L-lysine permease
3446	6946	1154683	1153295	1389	sp:AROP_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 arpP	100.0	100.0	463	aromatic amino acid permease
3447	6947	1155678	1154729	948	pr:S52753	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 orf3	100.0	100.0	318	hypothetical protein
3448	6948	1155731	1158837	1107	pr:2106301A	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 dpgE	100.0	100.0	369	succinyl diaminopimelate desuccinylase
3449	6949	1219602	1218031	1572	sp:OQPUTP_1	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 putP	100.0	100.0	524	proline transport system
3450	6950	1238274	1239923	1650	sp:SYR_CORGL	Corynebacterium glutamicum AS019 ATCC 13059 argS	100.0	100.0	550	arginyl-tRNA synthetase
3451	6951	1239928	1241283	1335	sp:DCDA_CORGL	Corynebacterium glutamicum AS019 ATCC 13059 lysA	100.0	100.0	445	diaminopimelate (DAP) decarboxylase (meso-diaminopimelate decarboxylase)
3452	6952	1242507	1243841	1335	sp:DHOM_CORGL	Corynebacterium glutamicum AS019 ATCC 13059 hom	100.0	100.0	445	homoserine dehydrogenase
3453	6953	1243855	1244781	927	sp:KHSE_CORGL	Corynebacterium glutamicum AS019 ATCC 13059 thrB	100.0	100.0	309	homoserine kinase
3454	6954	1327617	1328243	627	sp:W37716	Corynebacterium glutamicum R127 orf3	100.0	100.0	216	ion channel subunit
3455	6955	1328953	1328246	708	sp:LYSE_CORGL	Corynebacterium glutamicum R127 lysE	100.0	100.0	238	lysine exporter protein
3456	6956	1329015	1329884	870	sp:LYSQ_CORGL	Corynebacterium glutamicum R127 lysQ	100.0	100.0	290	lysine export regulator protein
3457	6957	1338131	1340006	1876	sp:LLVB_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 ilvB	100.0	100.0	628	acetylhydrony acid synthase, large subunit

【0342】

【表133】

第1-133 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	ホムッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致長 (aa)	機能
3458	6958	1340025	1340540	516	pirB48648	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 ihN	100.0	100.0	172	acetohydroxy acid synthase, small subunit
3459	6959	1340724	1341737	1014	pirC48648	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 ihC	100.0	100.0	338	acetohydroxy acid isomeroreductase
3460	6960	1353489	1354508	1020	spLEU3_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 leuB	100.0	100.0	340	3-isopropylmalate dehydrogenase
3461	6961	1423217	1425265	2049	prf2014258A	Corynebacterium glutamicum KCTC1445 ptsM	100.0	100.0	683	PTS system, phosphoenolpyruvate sugar phosphotransferase (mannose and glucose transports)
3462	6962	1466491	1467372	882	spARGB_COROL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 argB	100.0	100.0	294	acetylglutamate kinase
3463	6963	1468565	1469521	957	sp:OTCA_COROL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 argC	100.0	100.0	319	ornithine carbamoyltransferase
3464	6964	1469528	1470040	513	sp:AF041436.1	Corynebacterium glutamicum ASO19 argR	100.0	100.0	171	arginine repressor
3465	6965	1544554	1543154	1401	sp:CGL238250.1	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 ndh	100.0	100.0	467	NADH dehydrogenase
3466	6966	1586725	1586465	261	sp:AF086704.1	Corynebacterium glutamicum ASO19 hlsE	100.0	100.0	87	phosphoribosyl-ATP- pyrophosphohydrolase
3467	6967	1675208	1674123	1086	sp:CGL007732.4	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 bcd	100.0	100.0	362	ornithine-cyclodacboxylase
3468	6968	1676823	1675268	1356	sp:CGL007732.3	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 amt	100.0	100.0	452	ammonium uptake protein, high affinity
3469	6969	1677278	1677049	231	sp:CGL007732.2	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 secG	100.0	100.0	77	protein-export membrane protein secG
3470	6970	1580143	1677387	2757	prf:1508287A	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 ppc	100.0	100.0	919	phosphoenolpyruvate carboxylase
3471	6971	1720898	1719669	1230	sp:AF124600.1	Corynebacterium glutamicum ASO19 arcC	100.0	100.0	410	chorismate synthase (5- enolpyruvylshikimate-3-phosphate phosphohydrolase)
3472	6972	1880490	1882385	1896	pir-B55225	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 cglJR	100.0	100.0	632	restriction endonuclease
3473	6973	2020854	2021846	993	prf2204288D	Corynebacterium glutamicum ATCC 13889 sigB	100.0	100.0	331	sigma factor or RNA polymerase transcription factor
3474	6974	2080620	2081504	885	sp:GLUB_CORGL	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 glbB	100.0	100.0	295	glutamate-binding protein
3475	6975	2085116	2083989	1128	sp:RECA_CORGL	Corynebacterium glutamicum ASO19 recA	100.0	100.0	376	recA protein

【0343】

【表134】

第1-134 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	db マッチ	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一塩基 (aa)	機能
3476	6976	2080183	2079281	903	sp:DAPA_BRELA	Corynebacterium glutamicum (Brevibacterium lactofermentum) ATCC 13869 dapa	100.0	100.0	301	dihydrodipicolinate synthase
3477	6977	2081934	2081191	744	sp:DAPB_CORQL	Corynebacterium glutamicum (Brevibacterium lactofermentum) ATCC 13869 dapB	100.0	100.0	248	dihydrodipicolinate reductase
3478	6978	2115363	2113884	1500	sp:CQA224946_1	Corynebacterium glutamicum R127 mgo	100.0	100.0	500	L-malate dehydrogenase (acceptor)
3479	6979	2171741	2168666	2076	sp:CAJ10319_4	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 glnD	100.0	100.0	692	uridylyltransferase, uridylyl-removing enzyme
3480	6980	2172086	2171751	336	sp:CAJ10319_3	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 glnB	100.0	100.0	112	nitrogen regulatory protein P-II
3481	6981	2173467	2172154	1314	sp:CAJ10319_2	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 amp	100.0	100.0	438	ammonium transporter
3482	6982	2186082	2184742	1341	pir:S32227	Corynebacterium glutamicum ATCC 17865 gdhA	100.0	100.0	447	glutamate dehydrogenase (NADP+)
3483	6983	2207092	2205868	1425	sp:KPYK_CORQL	Corynebacterium glutamicum ASD19 pyk	100.0	100.0	475	pyruvate kinase
3484	6984	2317550	2316582	969	sp:AF098280_1	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 glk	100.0	100.0	323	glucokinase
3485	6985	2348829	2350259	1431	prf:2322244A	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 gdhA	100.0	100.0	477	glutamine synthetase
3486	6986	2355042	2353800	1443	sp:THRC_CORQL	Corynebacterium glutamicum thrC	100.0	100.0	481	threonine synthase
3487	6987	2450172	2448328	1845	prf:2501285B	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 ecfP	100.0	100.0	615	ectoine/proline/glycine betaine carrier
3488	6988	2470141	2467925	2217	pir:140715	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 aceB	100.0	100.0	739	malate synthase
3489	6989	2470740	2472035	1296	pir:140713	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 aceA	100.0	100.0	432	isocitrate lyase
3490	6990	2497776	2496670	1107	sp:PROB_CORQL	Corynebacterium glutamicum ATCC 17865 proB	100.0	100.0	389	glutamate 5-kinase
3491	6991	2591469	2590312	1158	sp:AF126953_1	Corynebacterium glutamicum ASD19 matB	100.0	100.0	386	cystathionine gamma-synthase
3492	6992	2680127	2679884	444	sp:AF112535_2	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 rvdI	100.0	100.0	148	ribonucleotide reductase
3493	6993	2680649	2680419	231	sp:AF112535_1	Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 rvdH	100.0	100.0	77	glutaredoxin

【0344】

【表135】

第1-135 表

配列番号 (塩基)	配列番号 (アミノ酸)	開始 (nt)	終了 (nt)	ORF長 (bp)	ドマイン	相同遺伝子名	同一性 (%)	類似性 (%)	一致率 (bp)	機能
3494	6994	2787715	2786756	960	sp:DDH_CORGL	<i>Corynebacterium glutamicum</i> KY10755 ddh	100.0	100.0	320	meso-diaminopimelate D-dehydrogenase
3495	6995	2888078	2887044	135	sp:CGL238703.1	<i>Corynebacterium glutamicum</i> MH20-22B porA	100.0	100.0	45	porin or cell wall channel forming protein
3496	6996	2933505	2935315	1191	sp:ACKA_CORGL	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 ackA	100.0	100.0	397	acetate kinase
3497	6997	2937494	2936508	987	prf2516394A	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 pta	100.0	100.0	328	phosphate acetyltransferase
3498	6998	2961342	2962718	1377	prf2309322A	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 cmr	100.0	100.0	459	multidrug resistance protein or macrolide-efflux pump or drug-proton antiporter
3499	6999	2968161	2963608	2556	sp:CLPB_CORGL	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 clpB	100.0	100.0	852	ATP-dependent protease regulatory subunit
3500	7000	3095522	3098578	945	prf1210288A	<i>Corynebacterium glutamicum</i> phaA	100.0	100.0	315	prephenate dehydratase
3501	7001	3274074	3272563	1512	prf2501295A	<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 proP	100.0	100.0	504	ectoine/proline uptake protein

【0345】実施例2 有効変異点の解明

(1) リジン生産菌B-6株と野生型株ATCC13032の遺伝子塩基配列比較による変異点の同定

Corynebacterium glutamicum B-6株〔(S-(2-アミノエチル)-システイン (AEC)、リファンピシン、ストレプトマイシン、および6-アザウラルに耐性を有する)は、野生型株ATCC13032から突然変異剤のN-メチル-N'-ニトロ-N-ニトロソグアニジン(NTG)によるランダム変異と選択を多段階にわたり繰り返すことによって変異育種されたリジン生産変異株である〔Appl Microbiol Biotechnol, 32, 269-273 (1989)〕。まず、リジン

生産に関連すると考えられるB-6株由来の遺伝子について、塩基配列を前述と同様な方法によって決定した。リジン生産関連遺伝子には、リジン排出系遺伝子であるlysEおよびlysG、リジン生合成系遺伝子であるddh、dapA、hom、およびlysC(各々、ジアミノピメル酸デヒドロゲナーゼ、ジヒドロピコリン酸シンターゼ、ホモセリンデヒドロゲナーゼ、およびアスパルトキナーゼをコード)、そして糖代謝系遺伝子であるpycおよびzwf(各々、ヒルビン酸カルボキシラーゼ、グルコース-6-リン酸デヒドロゲナーゼをコード)の遺伝子が含まれている。これら生産菌由来の遺伝子の塩基配列を、配列番号1~3501で示されたATCC13032株ゲノムの対応する塩基配列と比較解析した。その結果、多数の遺伝子に変異点が見出された。例えば、lysE、lysG、ddh、dapAなどには変異点は見出されなかったが、hom、lysC、pyc、zwfなどにはアミノ酸置換変異が見出された。それらの変異点の中から、既知の生化学的あるいは遺伝学的情報に基づいて、生産に寄与していると予想される変異点を抽出した。このようにして抽出した変異点の内、hom内変異Val59Alaおよびpyc内変異Pro458Serについて、それら変異が有効変異であるか否かの評価を以下に行った。

【0346】(2) hom内変異Val59Alaおよびpyc内変異Pro458Serの評価

ホモセリンの要求性または部分要求性をもたらすhomの変異は、野生型株にリジンの生産を付与することは公知である(アミノ酸発酵、相田浩ら編、学会出版センター)。しかし、hom内変異Val59Alaとリジン生産との関連についてはこれまで知見がない。hom内変異Val59Alaが有効変異か否かは、野生型株に該変異を導入し、得られた菌株のリジン生産能を調べることにより明らかにすることができる。一方、pyc内変異Pro458Serが有効か否かを調べるには、リジン生合成経路の代謝調節が解除されており、かつ該pyc変異を有していないリジン生産菌株に該変異を導入して、得られた菌株のリジン生産性を親株と比較することにより明らかにすることができる。そのようなリジン生産菌として、No.58株(FERM BP-7134)を選択した。以上に基づき、hom内変異Val59Alaおよびpyc内変異Pro458Serを遺伝子置換法を用いて、それぞれ、*Corynebacterium glutamicum*の野生型株 ATCC13032 およびリジン生産菌No.58株に導入することを試みることとし、そのための遺伝子置換用プラスミドベクターpCES30を以下のように作製した。

【0347】カナマイシン耐性遺伝子を有し、コリネ細菌で自律複製可能なプラスミドベクターpCE53〔Mol. Gen. Genet., 196, 175-178 (1984)〕および枯草菌のレバンシュクラゼ遺伝子(sacB)を含むプラスミドpMDB3(ATCC 77282)〔Molecular Microbiology, 6, 1195-1204 (1992)〕を各々PstIで切断した。次いで、アガロースゲル電気泳動後、pCE53断片およびsacBを含む2.6 kbのDNA断片をそれぞれGENECLEAN Kit(BIO 101社製)を

用いて抽出精製した。pCE53断片と該2.6 kbのDNA断片とをライゲーションキットver.2 (宝酒造社製) を用いて連結し、ATCC13032株に電気穿孔法〔FEMS Microbiology Letters, 65, 299 (1989)〕により導入し、25 μ g/mlのカナマイシンを含むBYG寒天培地〔10g グルコース、20g ペプトン (極東製薬工業社製)、5g 酵母エキス (Difco社製)、16g バクトアガー (Difco社製) を水1Lに含みpH7.2に調整した培地〕上にて30°Cで2日間培養し、カナマイシン耐性になった形質転換株を取得した。得られた形質転換株からアルカリSDS法により抽出したプラスミドは、制限酵素による切断解析の結果、pCES3のPstI部位に該2.6 kbのDNA断片が挿入された構造を有していることを確認した。該プラスミドをpCES30と命名した。

【0348】次に、変異点を有する2種の遺伝子、*hom*および*pyc*をPCR法にて増幅し、TAクローニング法 (バイオ実験イラストレイテッドvol.3) により、pCES30に挿入した。具体的には、pCES30をBamHI (宝酒造社製) で切断後、アガロース電気泳動し、GENECLEAN Kit (BIO 101社製) を用いて抽出精製した。得られたpCES30断片の両末端をDNAブランディングキット (DNA Blunting Kit、宝酒造社製) を用い、添付のプロトコールに従って、平滑化した。平滑化したpCES30断片をフェノール・クロロホルム抽出及びエタノール沈殿により濃縮した後、Taq DNAポリメラーゼ (Roche diagnostics社製)、dTTP存在下で70°C、2時間反応させ、3'末端にチミン (T) を1塩基を付加して、pCES30のTベクターを調製した。

【0349】一方、リジン生産菌B-6株より染色体DNAを斎藤らの方法〔Biochimica et Biophysica Acta, 72, 619 (1963)〕により調製し、これを鋳型として、変異型*hom*遺伝子の場合は配列番号7002および7003で表される塩基配列を有するDNAをプライマーセットとして、一方、変異型*pyc*遺伝子の場合は配列番号7004および7005で表される塩基配列を有するDNAをプライマーセットとして、それぞれPfu turbo DNAポリメラーゼ (Stratagene社製) を用いてPCR反応を行った。得られたPCR産物をアガロース電気泳動した後、GENECLEAN Kit (BIO 101社製) を用いて抽出精製した。次いで、このPCR産物をTaqポリメラーゼ (Roche diagnostics社製)、dATP存在下で72°C、10分間反応させ、3'末端にアデニン (A) を1塩基付加した。

【0350】上記のpCES30のTベクター断片とA塩基を付加したPCR産物の変異型*hom*遺伝子 (1.7 kb) または変異型*pyc*遺伝子 (3.6 kb) をフェノール・クロロホルム抽出し、エタノール沈殿により濃縮後、ライゲーションキットver.2を用いて連結した。該連結物をATCC13032株に電気穿孔法により導入し、25 μ g/mlのカナマイシンを含むBYG寒天培地上にて30°Cで2日間培養し、カナマイシン耐性になった形質転換株を取得した。得られた形

質転換株を25 μ g/mlのカナマイシンを含むBYG液体培地にて終夜培養し、培養液からアルカリSDS法によりプラスミドを抽出した。該プラスミドは、制限酵素による切断解析の結果、pCES30に該1.7 kbまたは該3.6 kbのDNA断片が挿入された構造を有していることを確認した。このようにして作製したプラスミドをそれぞれ、pChom59、pCpyc458と命名した。

【0351】遺伝子置換法による野生型株ATCC13032およびリジン生産菌No.58株への両変異の導入は次のような方法で行った。すなわち、ATCC13032株およびNo.58株にそれぞれ、pChom59およびpCpyc458を導入後、池田らの方法〔Microbiology, 144, 1863 (1998)〕を用いて該プラスミドが相同組み換えで染色体DNA中に組み込まれた株を選択した。次いで、pCES30にコードされる枯草菌レバニシユークラーゼが自殺基質を生産することを利用した選択法〔J. of Bacteriol., 174, 5462 (1992)〕により2度目の相同組み換えが行われた株を選択し、該選択株の中からATCC13032株およびNo.58株が従来保有していた野生型の*hom*および*pyc*遺伝子の変異型の*hom*および*pyc*遺伝子にそれぞれ置換された株を単離した。以下に、その具体的方法を示す。

【0352】プラスミドpChom59またはpCpyc458を保有する該形質転換株の各1株を選択し、該菌株を20 μ g/mlのカナマイシンを含むBYG培地中で培養し、電気穿孔法によりpCG11 (特公平6-91827) の導入操作を行った。pCG11は、スベクチノマイシン耐性遺伝子、およびpCE53と同じ複製起点を有するプラスミドベクターである。pCG11の導入操作後、該菌株を20 μ g/mlのカナマイシンおよび100 μ g/mlのスベクチノマイシンを含むBYG寒天培地上にて30°Cで2日間培養し、カナマイシンおよびスベクチノマイシンに耐性になった形質転換株を各々得た。これらの形質転換株の各1株の染色体を、池田らの報告〔Microbiology, 144, 1863 (1998)〕に従ってサザンブロットハイブリダイゼーションにより調べた。その結果、pChom59またはpCpyc458がCampbellタイプの相同組み換えにより染色体に組み込まれていることが確かめられた。このような株では、野生型および変異型の*hom*または*pyc*遺伝子が染色体上に近接して存在しており、その間で2回目の相同組み換えが起こりやすくなっている。

【0353】該形質転換株 (一回組換え体) の各々をSacB寒天培地〔ショ糖 100g、肉エキス7g、ペプトン 10g、塩化ナトリウム 3g、酵母エキス (Difco社製) 5g、バクトアガー (Difco社製) 18gを水1Lに含みpH7.2に調整した培地〕上に塗布し、30°Cで1日間培養して生育するコロニーをそれぞれ選択した。*sacB*遺伝子が存在する株は、ショ糖を自殺基質に転換するので、この培地では生育できない〔J. Bacteriol., 174, 5462 (1992)〕。これに対し、染色体上に近接して存在する野生型と変異型の*hom*または*pyc*遺伝子間での2回目の相同組み換えにより

sacB遺伝子が欠失した株では、自殺基質はできずこの培地で生育することができる。この相同組み換えの際には、野生型遺伝子もしくは変異型遺伝子のいずれかが、sacBとともに欠失する、このとき野生型がsacBとともに欠失した株では、変異型への遺伝子置換が起こったことになる。

【0354】このようにしてそれぞれ得られた2回組換え体の染色体DNAを上記、斎藤らの方法により調製し、hom遺伝子の場合は配列番号7002および7003で表される塩基配列を有するDNAをプライマーセットとして、一方pyc遺伝子の場合は配列番号7004および7005で表される塩基配列を有するDNAをプライマーセットとして、Pfu turbo DNAポリメラーゼ (Stratagene社製) と添付のバッファーを用いてPCRを行った。これらのPCR産物の塩基配列を常法により決定し、2回組み換え体のhomまたはpyc遺伝子が野生型か変異型かを判定した。その結果、HD-1およびNo.58pycと命名した2回組換え体は、それぞれ変異型のhom遺伝子およびpyc遺伝子を有する目的の菌株であることが確認された。

【0355】(3) HD-1株およびNo.58pyc株のリジン生産試験

取得したHD-1株 (ATCC13032株にhom遺伝子内変異Val59Alaを導入した菌株) およびNo.58pyc株 (No.58株にpyc遺伝子内変異Pro458Serを導入した菌株) を、それぞれ、ATCC13032株、No.58株をコントロールにして5リットルジャーファーマンターによる培養試験を行い、リジンの生産性を調べた。

【0356】BYG寒天培地上で30℃で24時間培養した各菌株を、種培地〔スクロース 50g、コーンステープリカー 40g、硫酸アンモニウム 8.3g、尿素 1g、リン酸二水素カリウム 2g、硫酸マグネシウム7水和物 0.83g、硫酸鉄7水和物 10mg、硫酸銅5水和物 1mg、硫酸亜鉛7水和物 10mg、β-アラニン 10mg、ニコチン酸 5mg、チアミン塩酸塩 1.5mg、ピオチン 0.5mgを水1Lに含みpH 7.2に調整し、炭酸カルシウムを30g加えた培地〕250mlを含む2リットルバッフル付き三角フラスコに植菌して30℃で12時間から16時間培養した。この種培養液全量を本培養培地 (グルコース 60g、コーンステープリカー 20g、塩化アンモニウム 25g、リン酸二水素カリウム 2.5g、硫酸マグネシウム7水和物 0.75g、硫酸鉄7水和物 50mg、硫酸マンガン5水和物 13mg、塩化カルシウム2水和物 50mg、硫酸銅5水和物 6.3mg、硫酸亜鉛7水和物 1.3mg、塩化ニッケル6水和物 5mg、塩化コバルト6水和物 1.3mg、モリブデン酸アンモニウム4水和物 1.3mg、ニコチン酸 14mg、β-アラニン 23mg、チアミン塩酸塩 7mg、ピオチン 0.42mgを水1Lに含む培地) 1,400mlを含む5リットルジャーファーマンターに植菌し、32℃、1vvm、800rpm条件下で、pH7.0にアンモニア水で調整しながら培養した。培地中のグルコースが消費された時点でグルコース・フィード液 (グルコース 400g、塩

化アンモニウム 45gを水1Lに含む培地) を連続的に添加した。該フィード液の添加は、溶在酸素濃度が0.5~3ppmの範囲に維持されるように流加速度を調整しながら行い、培養時間が29時間に達したところで培養を終了した。遠心分離により培養物から菌体を除去し、上清中のL-リジン塩酸塩の蓄積量を高速液体クロマトグラフィー (HPLC) により定量した。結果を第2表に示す。

【0357】

【表136】

第 2 表

菌 株	L-リジン塩酸塩 (g/l)
ATCC 13032	0
HD-1	8
No.58	45
No.58pyc	51

【0358】第2表から明らかなように、hom内変異Val59Alaまたはpyc内変異Pro458Serの導入により、リジン生産性の付与あるいは向上が認められことから、両変異はいずれもリジン生産に関わる有効変異であることが解明された。*Corynebacterium glutamicum*の野生型株ATCC13032に、hom遺伝子内変異Val59Alaとpyc遺伝子内変異Pro458Serを、lysC遺伝子内変異Thr311Ileと共に導入した菌株AHP-3は、通産省工業技術院生命工学工業技術研究所〔日本国茨城県つくば市日本国茨城県つくば市東1丁目1番3号 (郵便番号305-8566) 〕に、平成12年12月5日付けで、受託番号FERM BP-7382として寄託されている。

【0359】実施例3 ゲノム情報に基づくリジン生産菌の再構築

*Corynebacterium glutamicum*の野生型株ATCC13032からNTGによるランダム変異と選択を多段階にわたり繰り返すことによって変異育種されたリジン生産変異株B-6 [App1, Microbiol. Biotechnol., 32, 269-273 (1989)] は、グルコースを炭素源とする32℃のジャー培養で著量のリジン塩酸塩を生産するが、発酵時間が長いと、時間当たりの生産性は2.1g/l/hに満たない。B-6株に導入されている推定300以上の変異点の中から、リジンの生産に寄与する有効変異のみを野生型株ATCC13032に再構成する育種を試みた。

【0360】(1) B-6株とATCC13032株の遺伝子塩基配列比較による変異点の同定と有効変異の特定
前項で述べたように、B-6株由来の遺伝子の塩基配列を、配列番号1~3501で示されたATCC13032株ゲノムの対応する塩基配列と比較解析することにより、B-6株の染色体に蓄積された多数の変異点を同定した。これらの中から、前項で述べた方法により、リジン生産に関わる有効変異として、hom内変異Val59Ala、lysC内変異Thr311Ile、pyc内変異Pro458Ser、およびzwf内変異Ala213Thrを特定した。これら4種の変異を野生型株に再構成して工業的に優れたリジン生産菌を再構築する育種を以下に示

ような手順で実施した。

【0361】(2) 変異型遺伝子を有する遺伝子置換用プラスミドの作製

変異型 hom 遺伝子を有する遺伝子置換用プラスミド pChom59、および変異型 pyc 遺伝子を有する遺伝子置換用プラスミド pCpyc458 は、実施例 2 (2) で既に作製済みである。変異型の lysC および zwf を有する遺伝子置換用プラスミドは、次のようにして作製した。変異点を有する lysC および zwf を PCR 法にて増幅し、実施例 2 (2) に記載の TAC クローニング法 (バイオ実験イラストレイテッド Vol. 3) により、遺伝子置換用プラスミドベクター pCES30 に挿入した。

【0362】一方、リジン生産変異株 B-6 より染色体 DNA を斎藤らの方法 [Biochimica et Biophysica Acta, 72, 619 (1963)] により調製し、これを鋳型として、変異型 lysC 遺伝子の場合には配列番号 7006 および 7007 で表される塩基配列を有する DNA をプライマーセットとして、一方、変異型 zwf 遺伝子の場合には配列番号 7008 および 7009 で表される塩基配列を有する DNA をプライマーセットとして、それぞれ Pfu turbo DNA ポリメラーゼ (Stratagene 社製) を用いて PCR 反応を行った。得られた PCR 産物をアガロース電気泳動した後、GENECLEAN Kit (BIO 101 社製) を用いて抽出精製した。次いで、この PCR 産物を Taq DNA ポリメラーゼ (Roche diagnostics 社製)、dATP 存在下で 72°C、10 分間反応させ、3' 末端にアデニン (A) を 1 塩基付加した。

【0363】上記の pCES30 の T ベクター断片と A 塩基を付加した PCR 産物の変異型 lysC 遺伝子 (1.5 kb) または変異型 zwf 遺伝子 (2.3 kb) をフェノール・クロロホルム抽出し、エタノール沈殿により濃縮後、ライゲーションキット ver2 を用いて連結した。該連結物を ATCC13032 株に電気穿孔法により導入し、25 μg/ml のカナマイシンを含む BYG 寒天培地上にて 30°C で 2 日間培養し、カナマイシン耐性になった形質転換株を取得した。得られた形質転換株を 25 μg/ml のカナマイシンを含む BYG 液体培地にて終夜培養し、培養液からアルカリ SDS 法によりプラスミドを抽出した。該プラスミドは、制限酵素による切断解析の結果、pCES30 に該 1.5 kb または該 2.3 kb の DNA 断片が挿入された構造を有していることを確認した。このようにして作製したプラスミドをそれぞれ、pClysC311、pCzwf213 と命名した。

【0364】(3) 1 点変異株 HD-1 への lysC 内変異 Thr311Ile の導入

既に、実施例 2 (2) で野生型株 ATCC13032 に hom 内変異

Val59Ala を導入した 1 点変異株 HD-1 を取得しているので、実施例 2 (2) で述べた遺伝子置換法により、上記 (2) で作製した pClysC311 を用いて HD-1 株に lysC 内変異 Thr311Ile を導入した。このようにして得た菌株の染色体 DNA を用い、配列番号 7006 および 7007 で表される塩基配列を有する DNA をプライマーセットとして、実施例 2 (2) と同様な方法により PCR を行った。これらの PCR 産物の塩基配列を常法により決定した結果、AHD-2 と命名した株は、変異型の hom 遺伝子に加えて変異型の lysC 遺伝子を有する 2 点変異株であることが確認された。

【0365】(4) 2 点変異株 AHD-2 への pyc 内変異 Pro458Ser の導入

実施例 2 (2) で述べた遺伝子置換法により、実施例 2 (2) で作製した pCpyc458 を用いて AHD-2 株に pyc 内変異 Pro458Ser を導入した。このようにして得た菌株の染色体 DNA を用い、配列番号 7004 および 7005 で表される塩基配列を有する DNA をプライマーセットとして、実施例 2 (2) と同様な方法により PCR を行った。これらの PCR 産物の塩基配列を常法により決定した結果、AHP-3 と命名した株は、変異型の hom 遺伝子および lysC 遺伝子に加えて変異型の pyc 遺伝子を有する 3 点変異株であることが確認された。

【0366】(5) 3 点変異株 AHP-3 への zwf 内変異 Ala213Thr の導入

実施例 2 (2) で述べた遺伝子置換法により、上記 (2) で作製した pCzwf213 を用いて AHP-3 株に zwf 内変異 Ala213Thr を導入した。このようにして得た菌株の染色体 DNA を用い、配列番号 7008 および 7009 で表される塩基配列を有する DNA をプライマーセットとして、実施例 2 (2) と同様な方法により PCR を行った。これらの PCR 産物の塩基配列を常法により決定した結果、APZ-4 と命名した株は、変異型の hom 遺伝子、lysC 遺伝子、pyc 遺伝子に加えて変異型の zwf 遺伝子を有する 4 点変異株であることが確認された。

【0367】(6) HD-1 株、AHD-2 株、AHP-3 株、および APZ-4 株のリジン生産試験

以上のようにして取得した HD-1 株、AHD-2 株、AHP-3 株、および APZ-4 株について、実施例 2 (3) と同様な方法で 5 リットルジャーファーメンターによる培養試験を行った結果を第 3 表に示す。

【0368】

【表 137】

第 3 表

菌 株	L-リジン塩酸塩 (g/l)	生産性 (g/l/h)
HD-1	8	0.3
AHD-2	73	2.5
AHP-3	80	2.8
APZ-4	86	3.0

【0369】ランダム変異と選択により変異育種されたリジン生産変異株B-6の生産性は2.1g/l/hに満たないので、3.0g/l/hという高い生産性を与えるAPZ-4株は工業的に明らかに有利である。この生産性は、野生型株が元来有している高い生育能と糖消費能がAPZ-4株に反映されて達成されたものである。

【0370】(7) APZ-4株による高温条件でのリジン発酵

野生型株に4つの有効変異を導入することによって再構築されたAPZ-4株について、培養温度を40℃で行う以外は全て実施例2(3)と同様な方法で5リットルジャーファーメンターによる培養試験を行った結果を第4表に示す。

【0371】

【表138】

第 4 表

培養温度 (℃)	L-リジン塩酸塩 (g/l)	生産性 (g/l/h)
32	86	3.0
40	95	3.3

【0372】第4表から明らかなように、40℃の高温培養においても32℃の場合と同様なリジン塩酸塩力価と生産性が得られた。変異育種されたリジン生産変異株B-6では34℃を超える温度では、生育とリジンの生産性が低下するためリジン発酵を行うことができなかったが、APZ-4株では40℃の高温でもリジン発酵を行うことができるので、冷却の負担を大幅に軽減でき、工業的に有利である。この高温でのリジン発酵の成立は、野生型株が元来有している高温適応性がAPZ-4株に反映されて達成されたものである。

【0373】以上示したリジン生産菌の再構築から例証されるように、本発明は、従来の変異育種の欠点を排除して工業的に有利な菌株を取得する上で、有効かつ新規な育種法を提供する。この有効変異を再構成して生産菌を再構築する方法論は、本発明で開示したゲノムの塩基配列情報を利用することによって効率的に実施できるアプローチであり、その有効性は、本発明により初めて見出されたものである。

【0374】実施例4 DNAマイクロアレイの作製および利用

Corynebacterium glutamicum ATCC13032株の全塩基配列からソフトウェアを用いて予測したORFの塩基配列情報をもとにDNAマイクロアレイを作製し、培養時の炭素源により発現変動する遺伝子の探索を実施した。

(1) DNAマイクロアレイの作製

Corynebacterium glutamicum ATCC13032株より、斎藤らの方法[Biochimica et Biophysica Acta, 72, 619 (1963)]により染色体DNAを調製した。*Corynebacterium glutamicum* ATCC13032株の全ゲノム塩基配列をもとに

ソフトウェアにより予測された第1表に示すORFから任意に選んだ配列番号207、3433、281、3435、3439、765、3445、1226、1229、3448、3451、3453、3455、1743、3470、2132、3476、3477、3485、3488、3489、3494、3496、および3497で表される塩基配列を有する24個の遺伝子と内部標準用のウサギグロビン遺伝子の塩基配列[GenBank77セクション番号: V00882]をもとにして、該遺伝子の塩基配列を標的とする配列番号7010~7059に示したPCR増幅のためのオリゴDNAプライマーを常法により合成した。

【0375】PCRに用いたオリゴDNAプライマーは、

・配列番号207で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7010および7011で表される塩基配列を有するDNAを、

・配列番号3433で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7012および7013で表される塩基配列を有するDNAを、

・配列番号281で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7014および7015で表される塩基配列を有するDNAを、

・配列番号3435で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7016および7017で表される塩基配列を有するDNAを、

・配列番号3439で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7018および7019で表される塩基配列を有するDNAを、

・配列番号765で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7020および7021で表される塩基配列を有するDNAを、

・配列番号3445で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7022および7023で表される塩基配列を有するDNAを、

・配列番号1226で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7024および7025で表される塩基配列を有するDNAを、

・配列番号1229で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7026および7027で表される塩基配列を有するDNAを、

・配列番号3448で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7028および7029で表される塩基配列を有するDNAを、

・配列番号3451で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7030および7031で表される塩基配列を有するDNAを、

【0376】・配列番号3453で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7032および7033で表される塩基配列を有するDNAを、

・配列番号3455で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7034および7035で表される塩基配列を

有するDNAを、

・配列番号1743で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7036および7037で表される塩基配列を有するDNAを、

・配列番号3470で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7038および7039で表される塩基配列を有するDNAを、

・配列番号2132で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7040および7041で表される塩基配列を有するDNAを、

・配列番号3476で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7042および7043で表される塩基配列を有するDNAを、

・配列番号3477で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7044および7045で表される塩基配列を有するDNAを、

・配列番号3485で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7046および7047で表される塩基配列を有するDNAを、

・配列番号3488で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7048および7049で表される塩基配列を有するDNAを、

・配列番号3489で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7050および7051で表される塩基配列を有するDNAを、

・配列番号3494で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7052および7053で表される塩基配列を有するDNAを、

・配列番号3496で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7054および7055で表される塩基配列を有するDNAを、

・配列番号3497で表される塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7056および7057で表される塩基配列を有するDNAを、

・ウサギグロビン遺伝子の塩基配列を有するDNAの増幅には、配列番号7058および7059で表される塩基配列を有するDNAを、それぞれプライマーセットとして用いた。

【0377】PCR反応はサーマルサイクラー (GeneAmp PCR system 9600, Perkin elmer社製)、Takara EX-Taq (宝酒造社製)、染色体DNA 100ng、およびTakara Ex-Taq試薬添付のバッファーを用いて、95℃で15秒間、68℃で3分間のサイクルを30回行った。ウサギグロビン遺伝子に関してはウサギグロビンmRNA (ライフテクノロジーズ社製) から逆転写酵素RAV-2 (宝酒造社製) を使い、使用説明書に従って合成した一本鎖cDNAを鋳型DNAとした。増幅したそれぞれの遺伝子のPCR産物をアガロースゲル電気泳動し、QIAquick Gel Extraction Kit (QIAGEN社製) を用いて抽出、精製した。精製したPCR産物はエタノール沈殿により濃縮し、200ng/μ

lに調製した。スライドガラス上へのスポットティングにはGTMAS SYSTEM (日本レーザー電子社製) を使用説明書に従って使用し、各PCR産物についてそれぞれ2連でMASコート付きスライドガラス (松浪硝子社製) 上にスポットティングした。

【0378】(2) 蛍光標識cDNAの合成

ATCC13032株をBY寒天培地〔ペプトン (極東製薬工業社製) 20g、酵母エキス (Difco社製) 5g、バクトアガー (Difco社製) 16gを水1Lに含みpH7.2に調整された培地〕に塗布し、30℃で2日間培養した。これを更にBY液体培地5mlに植菌し、30℃で終夜培養した。次にこれをグルコース 110mmol/lまたは酢酸アンモニウム200mmol/lをふくむ最少培地 (硫酸アンモニウム 5g、尿素 5g、リン酸二水素一カリウム 0.5g、リン酸一水素二カリウム 0.5g、モルフォリノプロパンスルホン酸 20.9g、硫酸マグネシウム7水和物 0.25g、塩化カルシウム2水和物 10mg、硫酸マンガ1水和物 10mg、硫酸第一鉄7水和物 10mg、硫酸亜鉛7水和物 1mg、硫酸銅 0.2mg、ビオチン 0.2mgを水1Lに含み、pH6.5に調整された培地) 30mlに植菌し、660nmでの吸光度が1.0になるまで三角フラスコにて30℃で培養した。4℃、5,000rpm、10分間の遠心分離によって菌体を調製後、得られた菌体からベルマンらの方法 [Molecular Microbiology 6, 317-326 (1992)] により全RNAを調製した。DNAの混入を排除するためにDNase I (宝酒造社製) で37℃で30分間処理し、更にQiagen RNeasy Mini Kit (QIAGEN社製) を使い、使用説明書に従い精製した。得られた全RNA 30μgの溶液にウサギグロビンmRNA (50ng/μl、ライフテックオリエンタル社製) を0.6μl、ランダム6merプライマー (500ng/μl、宝酒造社製) を1μl加え、65℃で10分間変性させた後、氷上で急冷した。これにSuperScript II (ライフテクノロジーズ社製) 添付バッファー 6μl、0.1mol/l DTT 3μl、dNTPs (25mmol/l dATP, 25mmol/l dCTP, 25mmol/l dGTP, 10mmol/l dTTP) 1.5μl、Cy-dUTP (NEN社製) 1.5μl、SuperScript II 2μlを加え、25℃で10分間保持した後、42℃で110分間保持した。炭素源としてグルコースを使用した菌体から抽出したRNAはCy5-dUTPで、酢酸アンモニウムを使った菌体から抽出したRNAはCy3-dUTPで標識した。蛍光標識反応後、1mol/l水酸化ナトリウム・20mmol/l EDTA溶液を1.5μl、10% SDS溶液を3.0μl加え、65℃で10分間保温し、RNAを分解した。標識後の2つのcDNA溶液を混合し、Qiagen PCR purification Kit (QIAGEN社製) を使い、使用説明書に従って精製し、10μlに調製した。

【0379】(3) ハイブリダイゼーション

UltraHyb (Ambion社製) 110μlと蛍光標識したcDNA溶液10μlを混合し、GeneTAC Hybridization Station (Genomic Solutions社製) を用いて使用説明書に従ってハイブリダイゼーションとその後のスライドガラスの洗

浄まで行った。ハイブリダイゼーションは50℃、洗浄は25℃で行った。

【0380】(4) 蛍光分析

蛍光標識したcDNAをハイブリダイズさせたDNAマイクロアレイについてScanArray4000 (GSI Lumonics社製)を用いて蛍光量を測定した。第5表に各遺伝子のCy3、Cy5のシグナル強度を内部標準のウサギグロビン遺伝子の値により補正した数値とCy3/Cy5の比を示す。

【0381】

【表139】

第 5 表

配列番号	Cy3 強度	Cy5 強度	Cy3/Cy5
207	5248	3240	1.62
3433	2239	2694	0.83
281	2370	2595	0.91
3436	2566	2515	1.02
3439	5697	6944	0.81
765	6134	4943	1.24
3445	1169	1284	0.91
1226	1301	1493	0.87
1229	1168	1131	1.03
3448	1187	1594	0.74
3451	2845	3859	0.74
3453	3498	1705	2.05
3455	1491	1144	1.30
1743	1972	1841	1.07
3470	4752	3764	1.26
2132	1173	1085	1.08
3476	1847	1420	1.30
3477	1284	1164	1.10
3485	4539	8014	0.57
3488	34289	1398	24.52
3489	43645	1497	29.16
3494	3199	2503	1.28
3496	3428	2364	1.45
3497	3848	3358	1.15

【0382】Cy3のシグナルが顕著に強い配列番号3488、および3489に関してソフトウェアから予測されたORFの機能情報を検索したところ、配列番号3488はマレイ酸シンターゼ遺伝子、配列番号3489はイソクエン酸リアーゼ遺伝子であった。これらの遺伝子はCorynebacterium glutamicumにおいて酢酸により転写誘導される事が報告されている[Archives of Microbiology 168, 262-269 (1997)]。

【0383】以上のようにCorynebacterium glutamicum ATCC13032株の全ゲノム塩基配列からソフトウェアにより予測されたORFの塩基配列情報をもとに適切なオリ

ゴDNAプライマーを合成し、Corynebacterium glutamicumのゲノムDNAを鋳型にして該遺伝子の塩基配列をPCR反応により増幅し、DNAマイクロアレイを作製、利用する事で、発現が変動している遺伝子を見つけ出す事ができた。本実施例では24個の遺伝子についてDNAマイクロアレイを用いて発現量の解析が可能であることを示した。一方、現在のDNAマイクロアレイ技術では一度に数千種類の遺伝子のプローブを載せたDNAマイクロアレイの作製も可能である。したがって、本発明により明らかにしたCorynebacterium glutamicum ATCC13032株の全ゲノム塩基配列をもとにソフトウェアにより予測された全てのORFの遺伝子プローブを載せたDNAマイクロアレイを作製し、それを用いて、Corynebacterium glutamicumの全遺伝子レベルでの発現プロファイルを解析することも可能であることが示された。

【0384】実施例5 Corynebacterium glutamicumゲノム配列を用いたホモログ検索

(1) アデノシン・デアミナーゼ (Adenosine deaminase) の検索

Swiss-protデータベースより、アデノシン・デアミナーゼ (Adenosine Deaminase; EC3.5.4.4) としての機能が確認されている蛋白質のアミノ酸配列としてEscherichia coli アデノシン・デアミナーゼの配列 (ADD#ECOLI) を入手した。このアミノ酸配列の全長をクエリーとして、Corynebacterium glutamicumのゲノム配列からなる塩基配列データベースに対して、またはゲノム配列から予測したORF領域のアミノ酸配列からなるデータベースに対して、FASTAプログラム (Proc. Natl. Acad. Sci. US A 85, 2444-2448 (1988)) を用いて相同性検索を行った。E-valueが $1e^{-10}$ 以下であることをもって有為な相同性を有すると判定した。その結果、Corynebacterium glutamicumのゲノム配列からなる塩基配列データベースまたはゲノム配列から予測したORF領域のアミノ酸配列からなるデータベース内には、Escherichia coli アデノシン・デアミナーゼに有為な相同性を示す配列は見出されなかった。このことから、Corynebacterium glutamicumにはアデノシン・デアミナーゼ活性を有するORFが存在せず、アデノシンからイノシンへの変換活性が存在しないことが推定された。

【0385】(2) グリシン・クリーページ (Glycine cleavage) 酵素の検索

Swiss-protデータベースよりグリシン・クリーページ酵素 (Glycine cleavage酵素; EC2.1.2.10) としての機能が確認されている蛋白質のアミノ酸配列としてEscherichia coliグリシン・クリーページ酵素のコンポーネントであるグリシン・ディカルボキシラーゼ (glycine decarboxylase)、アミノメチルトランスフェラーゼ (aminomethyltransferase) およびアミノメチル (aminomethyl) 基キャリアの各配列 (GCSP#ECOLI、GCST#ECOLIおよびGCSH#ECOLI) を入手した。これらのアミノ酸配列の全

長をクエリーとして、*Corynebacterium glutamicum* のゲノム配列からなる塩基配列データベースに対して、またはゲノム配列から予測したORF領域のアミノ酸配列からなるデータベースに対して、FASTAプログラムを用いて相同性検索を行った。E-valueが $1e^{-10}$ 以下であることをもって有為な相同性を有すると判定した。その結果、*Corynebacterium glutamicum* のゲノム配列からなる塩基配列データベースまたはゲノム配列から予測したORF領域のアミノ酸配列からなるデータベース内には、*Escherichia coli* グリシン・クリーベージ酵素のコンポーネントであるグリシン・ディカルボキシラーゼ、アミノメチルトランスフェラーゼまたはアミノメチル基キャリアに有為な相同性を示す配列は見出されなかった。このことから、*Corynebacterium glutamicum* にはグリシン・ディカルボキシラーゼ、アミノメチルトランスフェラーゼおよびアミノメチル基キャリアの各活性を有するORFが存在せず、グリシン・クリーベージ酵素活性は存在しないことが推定された。

【0386】(3) IMPデヒドロゲナーゼ (IMP dehydrogenase) の検索

Swiss-protデータベースより、IMPデヒドロゲナーゼ (IMP dehydrogenase; EC1.1.1.205) としての機能が確認されている蛋白質のアミノ酸配列として *Escherichia coli* IMPデヒドロゲナーゼの配列 (IMDH#ECOLI) を入手した。このアミノ酸配列の全長をクエリーとして、*Corynebacterium glutamicum* のゲノム配列からなる塩基配列データベースに対して、またはゲノム配列から予測したORF領域のアミノ酸配列からなるデータベースに対して、FASTAプログラムを用いて相同性検索を行った。E-valueが $1e^{-10}$ 以下であることをもって有為な相同性を有すると判定した。その結果、*Corynebacterium glutamicum* のゲノム配列からなる塩基配列データベースまたはゲノム配列から予測したORF領域のアミノ酸配列からなるデータベース内から、配列番号1で表される塩基配列において、塩基配列番号61536-616853の領域に存在するORF (または配列番号672で表される塩基配列を有するORF)、塩基配列番号616973-618094の領域に存在するORF (または配列番号674で表される塩基配列を有するORF) の2つのORFのよってコードされるアミノ酸配列に、大腸菌IMPデヒドロゲナーゼのORFとの有為な相同性が見出された。これらのORFにコードされるアミノ酸配列と他の生物種のIMPデヒドロゲナーゼとの類似性をより詳細に調べるために、これらのアミノ酸配列をクエリーとして、GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) nr-aaデータベース (GenBankCDSの翻訳産物、PDBデータベース、Swiss-Protデータベース、PIRデータベース、PRFデータベースに登録されているものから、重複を除いて作成されたアミノ酸配列データベース) に対して、BLASTプログラムを用いて検索を行った。その結果、これら2つのアミノ酸

配列のいずれも、他生物種のIMPデヒドロゲナーゼに対して有為な相同性を示し、かつ他蛋白質のアミノ酸配列との相同性と比較して明らかにIMPデヒドロゲナーゼに対する相同性が高かったことから、これら2つのORFがコードするアミノ酸配列を有する蛋白質はIMPデヒドロゲナーゼとして機能していると推定された。これらのことから、*Corynebacterium glutamicum* にはIMPデヒドロゲナーゼ活性を有する蛋白質をコードするORFが2つ存在することが推定された。

【0387】実施例6 *Corynebacterium glutamicum* 菌体由来蛋白質のプロテオーム解析

(1) *Corynebacterium glutamicum* ATCC13032株、FERM BP-7134株、FERM BP-158株の菌体由来蛋白質の調製
Corynebacterium glutamicum ATCC13032株 (野生型株)、FERM BP-7134株 (*Corynebacterium glutamicum* のリジン生産株)、およびFERM BP-158株 (*Corynebacterium glutamicum* のリジン高生産株) を、実施例2(3)の方法に準じて5リットルジャーフェメンターによる培養試験を行った結果を第6表に示す。

【0388】

【表140】

第 6 表

菌 株	L-リジン塩酸塩 (g/l)
ATCC13032	0
FERM BP-7134	45
FERM BP-158	60

【0389】培養後、遠心分離により菌体をそれぞれ回収した。これら菌体をTris-HClバッファー [10mmol/l Tris-HCl pH6.5、1.6mg/ml プロテアーゼ・インヒビター (COMPLETE; Boehringer Mannheim社製)] で3回洗浄し、洗浄菌体を取得した。該洗浄菌体は-80℃で凍結保存可能であった。該凍結保存菌体は使用前に融解し、洗浄菌体として用いた。上記洗浄菌体を、破砕バッファー [10mmol/l Tris-HCl pH7.4、5mmol/l 塩化マグネシウム、50mg/l RNase、1.6mg/ml プロテアーゼ・インヒビター (COMPLETE; Boehringer Mannheim社製)] に懸濁し、ブラウン製破砕装置を用いて冷却しながら菌体を破砕した。得られた破砕液に50mg/lとなるようにDNaseを添加し、氷中で10分間放置した後、遠心分離 (5,000×g、15分間、4℃) により、未破壊菌体を沈殿区分として除去し、上清画分を回収した。

【0390】該上清画分に9mol/lになるように尿素を添加し、等量のリシスバッファー [9.5mol/l尿素、2%NP-40、2%アンフォライン、5%メルカプトエタノール、1.6mg/ml プロテアーゼ・インヒビター (COMPLETE; Boehringer Mannheim社製)] を加えて室温で十分攪拌し、溶解させた。溶解後、12,000×gで15分間遠心分離し、上清画分を分取した。該上清画分に80%飽和になるように硫

酸アンモニウムを添加し、十分に攪拌し、溶解させた。溶解後、遠心分離 (16,000×g、20分間、4℃) し、沈殿画分を回収した。該沈殿画分を再度リシスバッファーに溶解し蛋白質試料として以後の実験に用いた。該蛋白質試料の蛋白質濃度は、ブラッドフォードの蛋白定量法に準じた方法により求めた。

【0391】(2) 2次元電気泳動法による蛋白質の分離

等電点電気泳動法を用い1次元目の電気泳動を以下のように行った。成形済みの乾燥型IPGストリップゲル (pH4-7、13cm; Immobiline DryStrips; Amersham Pharmacia Biotech社製) をMultiphor IIあるいはIPGphor (Amersham Pharmacia Biotech社製) 電気泳動装置にセットし、膨潤液 (8mol/l 尿素、0.5% トリトンX-100、0.6% ジチオスレイトール、0.5% アンフォラインpH3-10) を充填して、12時間~16時間静置してゲルを膨潤させた。上記で調製した蛋白質試料をサンプル溶液 (9mol/l 尿素、2% CHAPS、1% ジチオスレイトール、2% アンフォラインpH3-10) に溶解した後、蛋白量として約100~500μgを分取し、膨潤したIPGストリップゲルに添加した。

【0392】等電点電気泳動は、20℃の定温調節下、下記四段階の条件で行った。

第一段階：0~500Vのグラジエントモードで1時間
第二段階：500~1000Vのグラジエントモードで1時間
第三段階：1000V~8000Vのグラジエントモードで4時間
第四段階：8000Vの定電圧で1時間

【0393】等電点電気泳動後、IPGストリップゲルをホルダーから取り出し、平衡化バッファーA液 (50mmol/l Tris-HCl pH6.8、30% グリセロール、1% SDS、0.25% ジチオスレイトール) に15分間、平衡化バッファーB液 (50mmol/l Tris-HCl pH6.8、6mol/l 尿素、30% グリセロール、1% SDS、0.45% ヨードアセトアミド) に15分間浸して十分にゲルを平衡化した。平衡化後、IPGストリップゲルをSDS泳動用バッファー (1.4% グリシン、0.1% SDS、0.3% Tris-HCl pH8.5) で軽くリンスし、分子量による2次元目の電気泳動を下記のように行い、蛋白質を分離した。

【0394】即ち、電気泳動装置にセットした14%ポリアクリルアミド・スラブゲル (14%ポリアクリルアミド、0.37% ビスアクリルアミド、37.5mmol/l Tris-HCl pH8.8、0.1% SDS、0.1% TEMED、0.1% 過硫酸アンモニウム) 上に、上記IPGストリップゲルを密着するように載せ、30mAの定電流下、20℃で3時間電気泳動し、蛋白質を分離した。

【0395】(3) 蛋白質スポットの検出

2次元目の電気泳動が終了したスラブゲルを用い、Gorgらの方法 [Electrophoresis, 9, 531-546 (1988)] に準じてクマジー染色を行った。即ち、25℃で約3時間振とうしながらスラブゲルを染色し、過剰な染色を脱色液

で脱色後、十分に蒸留水で洗浄した。結果を図2に示した。ATCC13032株 (図2のA)、FERM BP-7134株 (図2のB) およびFERM BP-158株 (図2のC) の菌体由来蛋白質は分離され、スポットとして検出することができた。

【0396】(4) 検出した蛋白質スポットのインジェ

ル・ダイジェスション (in-gel digestion)
検出したスポットをゲルから切り出してシリコナイズドチューブに移し、100mmol/l 重炭酸アンモニウム：アセトニトリル (1:1, v/v) 液を400μl加えて一晩振とう後、そのまま凍結乾燥を行った。乾燥した該ゲルに、10μlのリシルエンドペプチダーゼ (LysC) 液 (WAKO社製; 100ng/μlの濃度になるように、0.1% SDS含有50mmol/l 重炭酸アンモニウム液で調製) を添加し、0℃で45分間膨張させた後、37℃で16時間放置した。LysC液を除去後、抽出液 (60%アセトニトリルと5%ギ酸混合液) を20μl添加し、室温で5分間超音波処理し、ゲルを破碎した。破碎後、遠心分離 (12,000rpm、5分間、室温) により抽出液を回収した。この操作を2回繰り返すすべての抽出液を回収した。真空遠心を行い、該回収液の液量が半分以下になるまで濃縮した。該濃縮液に0.1%のトリフルオロ酢酸を20μl加えて充分攪拌後、ZipTip (Millipore社製) を用いて脱塩処理した。ZipTipの担体に吸着させた蛋白質は、5μlのアルファシアノ-4-ヒドロキシシナミック酸 (α-cyano-4-hydroxycinnamic acid) を用いて溶出させ、解析用サンプル液とした。

【0397】(5) Matrix Assisted Laser Desorption Ionization Time Of Flight Mass Spectrometer (MALDI-TOFMS) による蛋白質スポットの質量分析及びアミノ酸配列分析

解析用サンプル液と質量校正用ペプチド混合物液 (300nmol/l Angiotensin II、300nmol/l Neurotensin、150nmol/l ACTHclip 18-39、2.3μmol/l Bovin insulin B chain) を等量混合後、該混合液1μlをステンレス製のプローブにスポットし、自然乾燥により結晶化した。測定用機種として、REFLEX MALDI-TOF質量分析計 (Bruker社製) をN2レーザー (337nm) と組み合わせて使用した。PMF (Peptide-mass finger printing) による解析は、加速電圧19.0 kV、検出器電圧1.50kV、リフレクターモードの条件下で、30回測定した結果の積算スペクトルを用いて行った。質量の校正には内部標準法を用いた。PSD (post-source decay) による解析は、加速電圧27.5 kVで反射電圧と検出器電圧を順次変えて得られた積算スペクトルを用いて行った。上記解析により、蛋白質スポットに由来する消化後のペプチド断片の質量およびアミノ酸配列を決定した。

【0398】(6) 蛋白質スポットの同定

上記(5)で得られた蛋白質スポットに由来する消化後のペプチド断片のアミノ酸配列情報から、実施例1で構築した、*Corynebacterium glutamicum* ATCC13032株のゲ

ノム配列データベースより、該蛋白質に相応するORFを検索し、該蛋白質を同定した。蛋白質の同定には、イントラネット版のprotein prospectorのMS-FitプログラムとMS-Tagプログラムを用いた。

【0399】(a) 高発現蛋白質をコードする遺伝子の検索と同定

図2のAに示された、CBB染色により発現量の高いと認められた、*Corynebacterium glutamicum* ATCC13032株の菌体由来の蛋白質において、スポットー1、スポットー2、スポットー3、スポットー4、スポットー5に対応する蛋白質について上記方法でこれら蛋白質を同定した。その結果、スポットー1は配列番号4585で表されるアミノ酸配列を有する蛋白質であるエノラーゼ(enolase)、スポットー2は配列番号5254で表されるアミノ酸配列を有する蛋白質であるホスホグリセレート・キナーゼ(phosphoglycerate kinase)、スポットー3は配列番号5255で表されるアミノ酸配列を有する蛋白質であるグリセルアルデヒド-3-ホスフェート・デヒドロゲナーゼ(glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase)、スポットー4は配列番号6543で表されるアミノ酸配列を有する蛋白質であるフルクトース・ビス-ホスフェート・アルドラーゼ(fructose bis-phosphate aldolase)、スポットー5は配列番号5252で表されるアミノ酸配列を有する蛋白質であるトリオース・ホスフェート・イソメラーゼ(triose phosphate isomerase)であった。

【0400】これら公知の蛋白質をコードする遺伝子は、それぞれスポットー1の蛋白質をコードする配列番号1085記載の塩基配列を有する遺伝子、スポットー2の蛋白質をコードする配列番号1754記載の塩基配列を有する遺伝子、スポットー3の蛋白質をコードする配列番号1775記載の塩基配列を有する遺伝子、スポットー4の蛋白質をコードする配列番号3043記載の塩基配列を有する遺伝子、スポットー5の蛋白質をコードする配列番号1752記載の塩基配列を有する遺伝子であり、微生物生命を維持するのに重要な中央代謝経路の遺伝子であり、特にスポットー2、スポットー3、スポットー5の蛋白質をコードする3遺伝子はオペロンを形成し、その上流域には高発現プロモーターがコードされていることが示唆されている[J. of Bacteriol., 174, 6067-6086 (1992)]。また、上記と同様の手法を用いて、図2のスポットー9に相応する蛋白質を同定したところ、該スポットは、配列番号6937で表されるアミノ酸配列を有する蛋白質であるエロンゲーションファクター Tuであり、該蛋白質は配列番号3437で表される塩基配列を有するDNAにコードされていることが判明した。これらの結果より、実施例1で構築した*Corynebacterium glutamicum*のゲノム配列データベースを用い、発現レベルの高い蛋白質をプロテオーム解析により同定することにより、該蛋白質をコードする遺伝子の塩基配列

とその上流域の塩基配列も同時に検索することが可能となり、高発現プロモーターとしての機能を有する塩基配列を効率的に選択することが可能であることが示された。

【0401】(b) 修飾蛋白質の検索と同定

図2のBに示された、*Corynebacterium glutamicum* FERM BP-7134株の菌体由来蛋白質の内、スポットー6、スポットー7、スポットー8を上記と同様の方法で同定した結果、3スポットは、全て配列番号3785で表されるアミノ酸配列を有する蛋白質であるカタラーゼ(catalase)であった。即ち、等電点における移動度が異なるスポットとして検出されたスポットー6、スポットー7、スポットー8は、全て同一の配列番号285で表される塩基配列からなるカタラーゼ遺伝子に由来する産物であると考えられた。よって、*Corynebacterium glutamicum* FERM BP-7134株由来のカタラーゼは、翻訳後に修飾を受けていたことが示された。この結果より、実施例1で構築した*Corynebacterium glutamicum*のゲノム配列データベースを用い、プロテオーム解析することにより、種々の異なる修飾を受けた蛋白質を効率良く検索できることが確認できた。

【0402】(c) リジン生産性に有効な発現蛋白質の検索と同定

図2のA(ATCC13032株：野生株)、図2のB(FERM BP-7134株：リジン生産株)および図2のC(FERM BP-158株：リジン高生産株)において、上記で同定されたスポットー8に相応するカタラーゼと、スポットー9に相応するエロンゲーションファクター Tuは、リジン生産能が高い菌株ほど発現レベルが高くなっていることが分かった。この結果より、実施例1で構築した*Corynebacterium glutamicum*のゲノム配列データベースを用い、プロテオーム解析することにより、目的産物の生産能力の強化を目的とした育種において、有望な変異蛋白質を効率的に検索しかつ同定できることが分かった。

【0403】さらに、同定された該蛋白質に関わる塩基配列(プロモーター、ORF等の塩基配列)を上記データベースより検索し、該配列を基に設計したプライマーを使用することにより、容易に有用変異株の有する有用変異点を特定することができる。該変異点が特定されることにより、容易に該有用変異あるいは該有用変異から導かれる有用変異を有する、産業上有用な変異株を育種することができる。

【0404】

【発明の効果】本発明により、コリネ型細菌由来のポリヌクレオチドおよびオリゴヌクレオチド、該ポリヌクレオチドおよび/またはオリゴヌクレオチドを固着したオリゴヌクレオチドアレイ、ポリヌクレオチドにコードされるポリペプチド、該ポリペプチドを認識する抗体、該ポリペプチドおよび/または該抗体を固着したポリペプチドアレイ、該ポリヌクレオチドおよびオリゴヌクレオ

チドの塩基配列並びに該ポリペプチドのアミノ酸配列を記録したコンピュータで読みとり可能な記録媒体および該記録媒体を用いるコンピュータを用いたシステムを提供することができる。

【0405】

【配列フリーテキスト】

配列番号7002－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7003－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7004－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7005－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7006－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7007－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7008－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7009－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7010－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7011－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7012－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7013－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7014－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7015－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7016－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7017－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7018－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7019－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7020－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7021－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7022－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7023－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7024－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7025－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7026－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7027－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7028－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7029－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7030－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7031－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7032－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7033－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7034－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7035－人工配列の説明：合成DNA

配列番号7036－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7037－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7038－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7039－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7040－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7041－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7042－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7043－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7044－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7045－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7046－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7047－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7048－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7049－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7050－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7051－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7052－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7053－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7054－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7055－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7056－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7057－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7058－人工配列の説明：合成DNA
 配列番号7059－人工配列の説明：合成DNA

【0406】

【配列表】

配列表は公開・登録公報長大データCD-ROM「14 (2002)-001 (002)」を参照

【図面の簡単な説明】

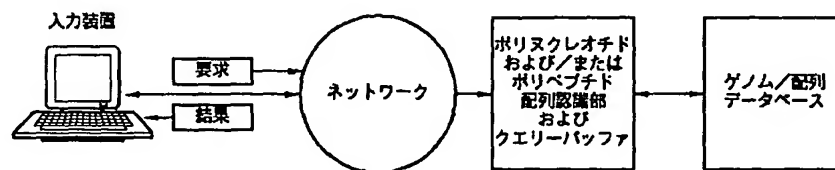
【図1】は、*Corynebacterium glutamicum* ATCC13032株のゲノム上の代表的な遺伝子の位置を示したマップを示した図である。

【図2】は、*Corynebacterium glutamicum* ATCC13032株 (A)、FERM BP-7134株 (B) およびFERM BP-158株 (C) 由来の蛋白質を用いたプロテオーム解析の結果を示す電気泳動図である。

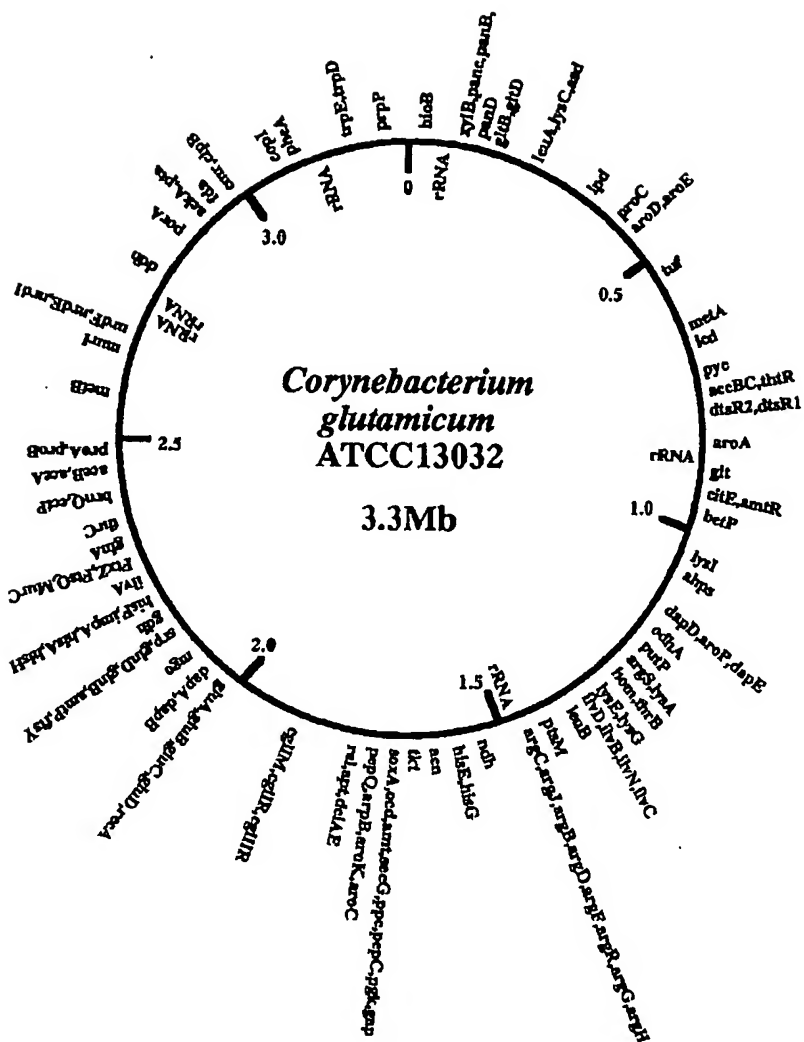
【図3】は、本発明のシステムを用いた例のフローチャートである。

【図4】は、本発明のシステムを用いた例のフローチャートである。

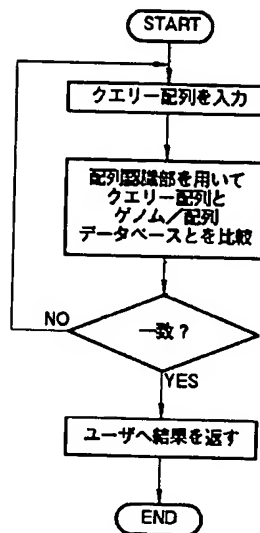
【図3】



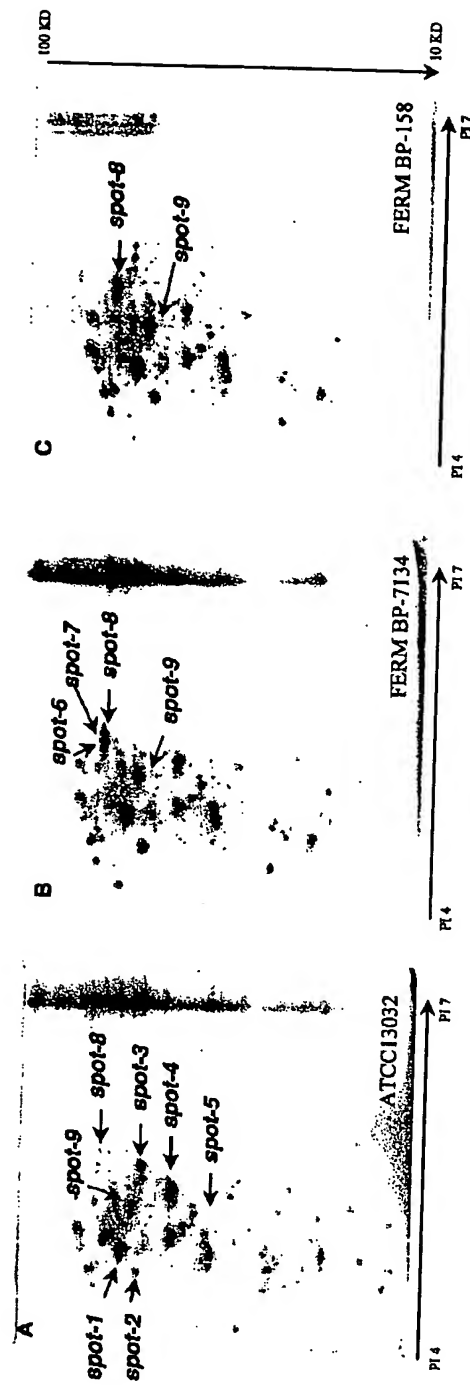
【図1】



【図4】



【図2】



フロントページの続き

(51)Int.Cl. ⁷	識別記号	F I	テームド' (参考)	
C 1 2 M	1/00	C 1 2 N	1/19	4 B 0 6 4
C 1 2 N	1/15		1/21	4 B 0 6 5
	1/19		9/00	4 H 0 4 5
	1/21		9/02	
	5/10	C 1 2 P	7/40	
	9/00		13/04	
	9/02		13/08	A
C 1 2 P	7/40		19/00	
	13/04		19/34	A
	13/08		21/02	C
	19/00	C 1 2 Q	1/37	
	19/34		1/68	A
	21/02	G 0 1 N	33/53	M
C 1 2 Q	1/37		33/566	
	1/68		33/569	F
G 0 1 N	33/53		33/68	
	33/566		37/00	1 0 3
	33/569	C 1 2 P	21/08	
	33/68	(C 1 2 N	1/21	
	37/00	C 1 2 R	1:15)	
// C 1 2 P	21/08	(C 1 2 N	1/21	
(C 1 2 N	1/21	C 1 2 R	1:13)	
C 1 2 R	1:15)	(C 1 2 N	1/21	
(C 1 2 N	1/21	C 1 2 R	1:01)	
C 1 2 R	1:13)	(C 1 2 P	13/08	A
(C 1 2 N	1/21	C 1 2 R	1:15)	
C 1 2 R	1:01)	C 1 2 N	15/00	Z N A A
(C 1 2 P	13/08		5/00	A
C 1 2 R	1:15)		15/00	F

公開・登録公報長大データ C D - R O M

14(2002)-001(002)

(72)発明者 安藤 聖子

東京都町田市旭町3丁目6番6号 協和醗
酵工業株式会社東京研究所内

(72)発明者 林 幹朗

東京都町田市旭町3丁目6番6号 協和醗
酵工業株式会社東京研究所内

(72)発明者 落合 恵子

東京都町田市旭町3丁目6番6号 協和醗
酵工業株式会社東京研究所内

(72)発明者 横井 治彦

東京都町田市旭町3丁目6番6号 協和醗
酵工業株式会社東京研究所内

(72)発明者 立石 直子

東京都町田市旭町3丁目6番6号 協和醗
酵工業株式会社東京研究所内

(72)発明者 妹尾 彰宏

東京都町田市旭町3丁目6番6号 協和醗
酵工業株式会社東京研究所内

(72)発明者 池田 正人

東京都町田市旭町3丁目6番6号 協和醗
酵工業株式会社東京研究所内

(72)発明者 尾崎 明夫

山口県防府市協和町1番1号 協和醗酵工
業株式会社技術研究所内

Fターム(参考) 2G045 AA28 AA34 AA35 BB20 CB21
DA12 DA13 DA14 DA35 DA36
FB01 FB02 FB04 FB07 FB15
JA01 JA07
4B024 AA03 AA11 BA07 BA71 CA03
CA09 DA06 HA01 HA14 HA15
HA19
4B029 AA07 AA23 BB02 CC11 FA12
4B050 CC03 DD02 LL03 LL05
4B063 QA08 QQ12 QQ13 QQ42 QR32
QR38 QS25 QS34 QS38
4B064 AD01 AE03 AE25 AF01 AF27
AG01 AH02 CA02 CA19 CC24
4B065 AA22Y AA24Y AA26Y AA32Y
AB01 BA01 BA16 CA10 CA17
CA19 CA23 CA28
4H045 AA10 AA11 AA20 BA09 CA11
FA74